

(19) 世界知的所有権機関  
国際事務局



(43) 国際公開日  
2004 年10 月14 日 (14.10.2004)

PCT

(10) 国際公開番号  
WO 2004/087763 A1

(51) 国際特許分類<sup>7</sup>: C07K 16/28,  
C12N 15/62, A61K 39/395, A61P 1/04, 1/16, 3/10, 5/14,  
7/00, 7/04, 7/06, 11/06, 15/08, 17/00, 17/06, 21/04, 25/00,  
27/02, 29/00, 35/00, 35/02, 37/02, 43/00

(21) 国際出願番号: PCT/JP2004/004696

(22) 国際出願日: 2004 年3 月31 日 (31.03.2004)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:  
特願2003-096950 2003 年3 月31 日 (31.03.2003) JP

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 中  
外製薬株式会社 (CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI  
KAISHA) [JP/JP]; 〒1158543 東京都北区浮間 5 丁目  
5 番 1 号 Tokyo (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 土屋 政幸  
(TSUCHIYA, Masayuki) [JP/JP]; 〒4120038 静岡県御  
殿場市駒門 1 丁目 1 3 5 番地 中外製薬株式会社内  
Shizuoka (JP). 木村 直紀 (KIMURA, Naoki) [JP/JP]; 〒  
3004101 茨城県新治郡新治村永井 1 5 3 番地 2 中  
外製薬株式会社内 Ibaraki (JP). 福田 達也 (FUKUDA,

Tatsuya) [JP/JP]; 〒4120038 静岡県御殿場市駒門 1 丁  
目 1 3 5 番地 中外製薬株式会社内 Shizuoka (JP).

(74) 代理人: 清水 初志, 外 (SHIMIZU, Hatsushi et al.); 〒  
3000847 茨城県土浦市卸町 1 - 1 - 1 関鉄つくばビ  
ル 6 階 Ibaraki (JP).

(81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が  
可能): AE, AG, AI., AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR,  
BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,  
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,  
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,  
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA,  
NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE,  
SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US,  
UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が  
可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL,  
SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG,  
KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY,  
CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC,  
NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG,  
CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:  
— 国際調査報告書

2 文字コード及び他の略語については、定期発行される  
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語  
のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: MODIFIED ANTIBODY AGAINST CD22 AND UTILIZATION THEREOF

(54) 発明の名称: CD 2 2 に対する改変抗体およびその利用

(57) Abstract: Based on the sequential data of two anti-CD22 antibodies having been published, CD22 diabodies in which variable regions of the heavy chain and the light chain are bonded together via a 5mer linker are constructed. These 2 diabodies are examined in binding to lymphoma cells and activity of inducing cell death (apoptosis). As a result, it is found out that both of these diabodies bind to a Raji cell (i.e., a B lymphoma cell line) and have an activity of inducing apoptosis in the Raji cell and a Daudi cell which is also a B lymphoma cell line. These results indicate that degraded antibodies recognizing CD22 are usable as apoptosis inducers in tumor cells such as lymphocyte cells.

(57) 要約: 既に公開されている二種類の抗CD22抗体の配列情報をもとに、重鎖と軽鎖の可変領域を5merのリンカーで連結させたCD22diabodyをそれぞれ作製した。作製した2種のdiabodyについて、リンパ腫細胞に対する結合及び細胞死 (アポトーシス) 誘導活性の検討を行った結果、これらdiabodyがいずれもBリンパ腫細胞株であるRaji細胞に結合し、さらに、いずれもRaji細胞および同じくBリンパ腫細胞株であるDaudi細胞にアポトーシスを誘導する活性があることが判明した。以上の結果は、CD22を認識する抗体の低分子化抗体がリンパ腫細胞などの腫瘍細胞に対するアポトーシス誘導剤として利用できることを示している。

WO 2004/087763 A1

- 1 -

## 明細書

## CD 2 2 に対する改変抗体およびその利用

5 技術分野

本発明は、CD22を認識する抗体の低分子化抗体に関する。

背景技術

CD22は、Igスーパーファミリーに属する分子であり、その発現はB細胞に特異的  
10 で、B細胞レセプターからのシグナルを抑制する機能を担っていると考えられてい  
る。また、CD22は、造血器疾患において、様々なB細胞性白血病、悪性リンパ腫細  
胞に発現していることが知られている。血清中に可溶性のCD22は検出されていな  
いことから、CD22は抗体療法が可能であると考えられている（非特許文献1 から  
5）。

15 造血器腫瘍におけるCD22抗体の利用に関しては、ヒト化された抗CD22抗体など  
を利用してB細胞悪性疾患の治療が可能である旨の報告がある（特許文献1 および  
2）。しかしながら、これら文献においては、抗CD22抗体とアポトーシス誘起活  
性との関係については、何ら開示されていない。

一方、通常の抗CD22抗体では認められなかったリンパ腫細胞株であるDaudiに対  
20 する増殖抑制効果が、抗CD22抗体を架橋剤で化学的にcross-linkすることで、認  
められたとの報告がある（非特許文献6）。ただし、アポトーシス誘導に関する  
記述はなされていない。

実際の治療において種々の利点を有する低分子化された抗体の利用に関しては、  
CD22を含む数種の抗原に対する抗体（IgG、Fc部分を含まないFab' 2）をクロスリ  
25 ンクし、これを用いて腫瘍細胞のアポトーシスを誘起する方法が開示されている  
（特許文献3）。しかしながら、この文献においては、CD22に対する抗体は、実

- 2 -

際に作成されておらず、従って、そのアポトーシス誘起活性の検出も行われていない。

このように低分子化された抗CD22抗体を利用して腫瘍細胞のアポトーシスを誘導したとの報告はいまだなされていない。

5      なお、本出願の発明に関連する先行技術文献情報を以下に示す。

〔非特許文献1〕   西井一浩   CURRENT RHERAPY Vol.20 No.1 47-50

〔非特許文献2〕   Tedder et al., Ann Rev Immunol 15:481-504(1997)

〔非特許文献3〕   Clark EA J Immunol 150:4715-4718(1993)

〔非特許文献4〕   Sato et al., Immunity 5:551-562(1996)

10   〔非特許文献5〕   Li et al., Cell Immunol 118:85-99(1993)

〔非特許文献6〕   Ghetie et al., Proc.Natl.Acad.Sci.USA 94:7509-7514 (1997)

〔特許文献1〕   特表2001-518930

〔特許文献2〕   特表平10-505231

15   〔特許文献3〕   W099/02567

#### 発明の開示

そこで、本発明の第一の目的は、CD22を認識する抗体の低分子化抗体を提供することにある。本発明のさらなる目的は、この低分子化抗体を利用した新たな造  
20   血器腫瘍の治療法を提供することにある。

本発明者らは、CD22に対する低分子化抗体であるdiabodyを作製することを目的として、まず、既に公開されている二種類の抗CD22抗体の配列情報をもとに、重鎖と軽鎖の可変領域を5merのリンカーで連結させたCD22diabodyの塩基配列をそれぞれ設計し、その合成を行った（精製の容易化のためdiabodyにはFlag-tagを挿入  
25   した）。合成したcDNAを動物細胞発現ベクターに挿入し、これをDG44細胞あるいはCOS7細胞に導入し、その培養上清から、生産されたdiabodyを抗Flag M2アガロ

- 3 -

ースを利用してアフィニティー精製した。

本発明者らは、次いで、こうして得られた2種のdiabodyについて、リンパ腫細胞に対する結合及び細胞死（アポトーシス）誘導活性の検討を行った。その結果、これらdiabodyがいずれもBリンパ腫細胞株であるRaji細胞に結合し、さらに、い  
5 ずれもRaji細胞および同じくBリンパ腫細胞株であるDaudi細胞にアポトーシスを誘導する活性があることが判明した。以上の結果は、CD22を認識する抗体の低分子化抗体がリンパ腫細胞などの腫瘍細胞に対するアポトーシス誘導剤として利用できることを示している。

即ち、本発明は、以下の（１）～（１２）を提供するものである。

- 10      （１）   CD22を認識する低分子化抗体。
- （２）   Diabodyである（１）に記載の低分子化抗体。
- （３）   以下の（a）～（f）のいずれかに記載の低分子化抗体。
  - （a）   配列番号：１または３に記載のアミノ酸配列を有する低分子化抗体。
  - 15               （b）   配列番号：１または３に記載のアミノ酸配列において１もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、（a）に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。
  - （c）   配列番号：５のCDRおよび配列番号：７のCDRのアミノ酸配列を有  
20               する低分子化抗体。
  - （d）   配列番号：５のCDRおよび配列番号：７のCDRのアミノ酸配列において、１もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、  
                  （c）に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。
  - 25               （e）   配列番号：９のCDRおよび配列番号：１１のCDRのアミノ酸配列を  
                  有する低分子化抗体。

- 4 -

(f) 配列番号：9のCDRおよび配列番号：11のCDRのアミノ酸配列において、1もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および/または付加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、  
(c)に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。

- 5 (4) CD22を認識する抗体を低分子化することによって、活性が上昇した抗体を製造する方法。
- (5) 低分子化がDiabody化である、(4)に記載の方法。
- (6) 活性がアポトーシス誘導活性である、(4)または(5)に記載の方法。
- 10 (7) (1)～(3)のいずれかに記載の低分子化抗体、(4)～(6)のいずれかに記載の方法によって製造される低分子化抗体を有効成分として含有する、アポトーシス誘導剤。
- (8) 腫瘍細胞に対するアポトーシスを誘導する、(7)に記載のアポトーシス誘導剤。
- 15 (9) 腫瘍細胞がリンパ腫細胞または白血病細胞である、(8)に記載のアポトーシス誘導剤。
- (10) (1)～(3)のいずれかに記載の低分子化抗体、(4)～(6)のいずれかに記載の方法によって製造される低分子化抗体を有効成分として含有する、抗腫瘍剤。
- 20 (11) 腫瘍が血液腫瘍である、(10)に記載の抗腫瘍剤。
- (12) 抗体がDiabodyである、(7)から(9)のいずれかに記載のアポトーシス誘導剤。
- (13) 抗体がDiabodyである、(10)または(11)に記載の抗腫瘍剤。

本発明は、CD22を認識する低分子化抗体を提供する。本発明における低分子化抗体は、活性が上昇している点で有用である。ここで、活性とは、抗体が抗原に  
25 結合することにより生じる生物学的作用をいう。具体的な例としては、アポト



- 5 -

シス誘導作用、抗腫瘍作用である。

アポトーシス誘導作用、抗腫瘍作用などの対象となる細胞は特に限定されないが、腫瘍細胞が好ましい。腫瘍細胞の具体的な例としては、リンパ腫細胞や白血病細胞が最も好ましい。

- 5 本発明においては、上記CD22を認識する低分子化抗体を投与することにより、例えば、血液腫瘍などの腫瘍（具体的な例として、白血病、骨髄異形成症候群、悪性リンパ腫、慢性骨髄性白血病、形質細胞異常症（多発性骨髄腫、マクログロブリン血症）、骨髄増殖性疾患（真性赤血球増加症、本態性血小板血症、特発性骨髄繊維症）など）や自己免疫疾患（具体的な例として、リウマチ、自己免疫性
- 10 肝炎、自己免疫性甲状腺炎、自己免疫性水疱症、自己免疫性副腎皮質炎、自己免疫性溶血性貧血、自己免疫性血小板減少性紫斑病、自己免疫性萎縮性胃炎、自己免疫性好中球減少症、自己免疫性精巣炎、自己免疫性脳脊髄炎、自己免疫性レセプター病、自己免疫不妊、クローン病、全身性エリテマトーデス、多発性硬化症、バセドウ病、若年性糖尿病、アジソン病、重症筋無力症、水晶体性ブドウ膜炎、
- 15 乾癬、ベーチェット病、など）のような疾患の治療、予防などをおこなうことが可能である。

本発明において、CD22とは、Igスーパーファミリーに属し、7個のIg様ドメインからなり、遺伝子上19q13.1に存在する分子（Tedder et al., Ann Rev Immunol 15:481-504(1997)）を意味する。

- 20 本発明において低分子化抗体とは、全長抗体(whole antibody、例えばwhole Ig G等)の一部分が欠損している抗体断片を含み、抗原への結合能を有していれば特に限定されない。本発明の抗体断片は、全長抗体の一部分であれば特に限定されないが、重鎖可変領域（VH）又は軽鎖可変領域（VL）を含んでいることが好ましく、特に好ましいのはVHとVLの両方を含む断片である。抗体断片の具体例として
- 25 は、例えば、Fab、Fab'、F(ab')<sub>2</sub>、Fv、scFv（シングルチェーンFv）、などを挙げるができるが、好ましくはscFv（Huston, J. S. et al., Proc. Natl. A

- 6 -

cad. Sci. U.S.A. (1988) 85, 5879-5883、Plickthun 「The Pharmacology of Monoclonal Antibodies」 Vol.113, Resenbarg 及び Moore編, Springer Verlag, New York, pp.269-315, (1994))である。このような抗体断片を得るには、抗体を酵素、例えば、パパイン、ペプシンなどで処理し抗体断片を生成させるか、又は、

5 これら抗体断片をコードする遺伝子を構築し、これを発現ベクターに導入した後、適当な宿主細胞で発現させればよい（例えば、Co, M. S. et al., J. Immunol. (1994) 152, 2968-2976 ; Better, M. and Horwitz, A. H., Methods Enzymol. (1989) 178, 476-496 ; Pluckthun, A. and Skerra, A., Methods Enzymol. (1989) 178, 497-515 ; Lamoyi, E., Methods Enzymol. (1986) 121, 652-663 ; Rousseaux, J. et al., Methods Enzymol. (1986) 121, 663-669 ; Bird, R. E. and Walker, B. W., Trends Biotechnol. (1991) 9, 132-137参照）。

10

本発明における低分子化抗体は、全長抗体よりも分子量が小さくなることが好ましいが、例えば、ダイマー、トリマー、テトラマーなどの多量体を形成すること等もあり、全長抗体よりも分子量が大きくなることもある。

15 本発明において好ましい低分子化抗体は、抗体のVHを2つ以上及びVLを2つ以上含み、これら各可変領域を直接あるいはリンカー等を介して間接的に結合した抗体である。結合は、共有結合でも非共有結合でもよく、また、共有結合と非共有結合の両方でよい。さらに好ましい低分子化抗体は、VHとVLが非共有結合により結合して形成されるVH-VL対を2つ以上含んでいる抗体である。この場合、低分子

20 化抗体中の一方のVH-VL対と他方のVH-VL対との間の距離が、全長抗体における距離よりも短くなる抗体が好ましい。

本発明において特に好ましい低分子化抗体はDiabodyである。Diabodyは、可変領域と可変領域をリンカー等で結合したフラグメント（例えば、scFv等）（以下、Diabodyを構成するフラグメント）を2つ結合させて二量体化させたものであり、

25 通常、2つのVLと2つのVHを含む(P.Holliger et al., Proc.Natl.Acad.Sci.USA, 90, 6444-6448 (1993)、EP404097号、W093/11161号、Johnson et al., Method in

- 7 -

Enzymology, 203, 88-98, (1991)、Holliger et al., Protein Engineering, 9, 299-305, (1996)、Perisic et al., Structure, 2, 1217-1226, (1994)、John et al., Protein Engineering, 12(7), 597-604, (1999)、Holliger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 90, 6444-6448, (1993)、Atwell et al., Mol. Immunol. 33, 1301-1312, (1996))。Diabodyを構成するフラグメント間の結合は非共有結合でも、共有結合でよいが、好ましくは非共有結合である。

また、Diabodyを構成するフラグメント同士をリンカーなどで結合して、一本鎖Diabody (scDiabody) とすることも可能である。その際、Diabodyを構成するフラグメント同士を20アミノ酸程度の長いリンカーを用いて結合すると、同一鎖上に存在するDiabodyを構成するフラグメント同士で非共有結合が可能となり、二量体を形成する。

Diabodyを構成するフラグメントは、VLとVHを結合したもの、VLとVLを結合したもの、VHとVHを結合したもの等を挙げることができるが、好ましくはVHとVLを結合したものである。Diabodyを構成するフラグメント中において、可変領域と可変領域を結合するリンカーは特に制限されないが、同一フラグメント中の可変領域の間で非共有結合がおこらない程度に短いリンカーを用いることが好ましい。そのようなリンカーの長さは当業者が適宜決定することができるが、通常2～14アミノ酸、好ましくは3～9アミノ酸、特に好ましくは4～6アミノ酸である。この場合、同一フラグメント上にコードされるVLとVHとは、その間のリンカーが短いため、同一鎖上のVLとVHの間で非共有結合がおこらず、単鎖V領域フラグメントが形成されない為、他のフラグメントとの非共有結合による二量体を形成する。さらに、Diabody作製と同じ原理で、Diabodyを構成するフラグメントを3つ以上結合させて、トリマー、テトラマーなどの多量体化させた抗体を作製することも可能である。

本発明におけるDiabodyとしては、下記のことを例示できるが、これらに限定されるものではない。



- 8 -

1. 配列番号：1または3に記載のアミノ酸配列を有するDiabody
  2. 配列番号：1または3に記載のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸配列が変異（置換、欠失、挿入、および／または付加）したアミノ酸配列を有するDiabodyであって、配列番号：1または3に記載の配列を有するDiabodyと機能的に同等なDiabody
  3. 配列番号：5のCDR（又は可変領域）および配列番号：7のCDR（又は可変領域）のアミノ酸配列を有するDiabody
  4. 配列番号：5のCDR（又は可変領域）および配列番号：7のCDR（又は可変領域）のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸配列が変異（置換、欠失、挿入、および／または付加）したアミノ酸配列を有するDiabodyであって、配列番号：5のCDR（又は可変領域）および配列番号：7のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabodyと機能的に同等なDiabody
  5. 配列番号：9のCDR（又は可変領域）および配列番号：11のCDR（又は可変領域）のアミノ酸配列を有するDiabody
  6. 配列番号：9のCDR（又は可変領域）および配列番号：11のCDR（又は可変領域）のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸配列が変異（置換、欠失、挿入、および／または付加）したアミノ酸配列を有するDiabodyであって、配列番号：9のCDR（又は可変領域）および配列番号：11のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabodyと機能的に同等なDiabody
- ここで「機能的に同等」とは、対象となるDiabodyが、配列番号：1または3に記載の配列を有するDiabody、配列番号：5のCDR（又は可変領域）および配列番号：7のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabody、または、配列番号：9のCDR（又は可変領域）および配列番号：11のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabodyと同等の活性（例えば、CD22への結合活性、アポトーシス誘導活性など）を有することを意味する。

変異するアミノ酸数は特に制限されないが、通常、30アミノ酸以内であり、好

- 9 -

ましくは15アミノ酸以内であり、さらに好ましくは5アミノ酸以内（例えば、3アミノ酸以内）であると考えられる。変異するアミノ酸残基においては、アミノ酸側鎖の性質が保存されている別のアミノ酸に変異されることが望ましい。例えばアミノ酸側鎖の性質としては、疎水性アミノ酸（A、I、L、M、F、P、W、Y、V）、  
5 親水性アミノ酸（R、D、N、C、E、Q、G、H、K、S、T）、脂肪族側鎖を有するアミノ酸（G、A、V、L、I、P）、水酸基含有側鎖を有するアミノ酸（S、T、Y）、硫黄原子含有側鎖を有するアミノ酸（C、M）、カルボン酸及びアミド含有側鎖を有するアミノ酸（D、N、E、Q）、塩基含有側鎖を有するアミノ酸（R、K、H）、芳香族含有側鎖を有するアミノ酸（H、F、Y、W）を挙げることができる（括弧内はいずれもアミノ酸の一文字標記を表す）。あるアミノ酸配列に対する1又は複数個のアミノ酸残基の欠失、付加及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列を有するポリペプチドがその生物学的活性を維持することはすでに知られている（Mark, D. F. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1984) 81, 5662-5666、Zoller, M. J. & Smith, M. Nucleic Acids Research (1982) 10, 6487-6500、Wang, A. et al., Science 224, 1431-1433、Dalbadie-McFarland, G. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1982) 79, 6409-6413）。

また、配列番号：1または3に記載のアミノ酸配列を有するDiabody、配列番号：5のCDR（又は可変領域）および配列番号：7のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabody、または配列番号：9のCDR（又は可変領域）および配列番号：11のCDR（又は可変領域）の配列を有するDiabodyを、ヒトに対する異種抗原性を低下させること等を目的としてヒト型化、キメラ化してもよい。

配列番号：5に記載されている可変領域に相当するアミノ酸配列で、31～35がCDR1、50～66がCDR2、99～105がCDR3に相当する。配列番号：7に記載されている可変領域に相当するアミノ酸配列で、24～40がCDR1、56～62がCDR2、95～103がCDR3に相当する。配列番号：9に記載されている可変領域に相当するアミノ酸配列で、31～35がCDR1、50～66がCDR2、99

- 10 -

～ 1 1 2 がCDR3に相当する。配列番号： 1 1 に記載されている可変領域に相当するアミノ酸配列で、 2 4 ～ 3 4 がCDR1、 5 0 ～ 5 6 がCDR2、 8 9 ～ 9 7 がCDR3に相当する。

本発明においてCD22を認識する低分子化抗体は、CD22に特異的に結合し、生物学的作用を有していれば特に制限されない。本発明の低分子化抗体は、当業者に公知の方法により作製することが可能である。例えば、実施例に記載されているように、CD22を認識する抗体の配列（特に可変領域の配列や相補鎖決定領域（CDR）の配列）を基に、当業者に公知の遺伝子組換え技術を用いて作製することが可能である。

10 CD22を認識する抗体の配列は、既に公知の抗体の配列を用いることが可能であり、又、CD22を抗原として、当業者に公知の方法により抗CD22抗体を作製し、その抗体の配列を取得して用いることも可能である。具体的には、例えば、以下のように行うことができる。CD22タンパク質若しくはその断片を感作抗原として使用して、これを通常の免疫方法にしたがって免疫し、得られる免疫細胞を通常の細胞融合法によって公知の親細胞と融合させ、通常のスクリーニング法により、モノクローナルな抗体産生細胞（ハイブリドーマ）をスクリーニングする。抗原の調製は公知の方法、例えばバキュロウイルスを用いた方法（W098/46777など）等に準じて行うことができる。ハイブリドーマの作製は、たとえば、ミルステインらの方法（Kohler, G. and Milstein, C., Methods Enzymol. (1981) 73: 3-46）等に準じて行うことができる。抗原の免疫原性が低い場合には、アルブミン等の免疫原性を有する巨大分子と結合させ、免疫を行えばよい。その後、ハイブリドーマのmRNAから逆転写酵素を用いて抗体の可変領域（V領域）のcDNAを合成し、得られたcDNAの配列を公知の方法により解読すればよい。

CD22を認識する抗体は、CD22と結合する限り特に制限はなく、マウス抗体、ラット抗体、ウサギ抗体、ヒツジ抗体、ヒト抗体等を適宜用いることができる。又、ヒトに対する異種抗原性を低下させること等を目的として人為的に改変した遺伝

- 1 1 -

子組換え型抗体、例えば、キメラ（Chimeric）抗体、ヒト型化（Humanized）抗体なども使用できる。これらの改変抗体は、既知の方法を用いて製造することができる。キメラ抗体は、ヒト以外の哺乳動物、例えば、マウス抗体の重鎖、軽鎖の可変領域とヒト抗体の重鎖、軽鎖の定常領域からなる抗体等であり、マウス抗体  
5 の可変領域をコードするDNAをヒト抗体の定常領域をコードするDNAと連結し、これを発現ベクターに組み込んで宿主に導入し産生させることにより得ることができる。

ヒト型化抗体は、再構成（reshaped）ヒト抗体とも称され、ヒト以外の哺乳動物、たとえばマウス抗体の相補性決定領域（CDR; complementarity determining  
10 region）をヒト抗体の相補性決定領域へ移植したものであり、その一般的な遺伝子組換え手法も知られている。具体的には、マウス抗体のCDRとヒト抗体のフレームワーク領域（framework region ; FR）を連結するように設計したDNA配列を、末端部にオーバーラップする部分を有するように作製した数個のオリゴヌクレオチドからPCR法により合成する。得られたDNAをヒト抗体定常領域をコードするDNAと  
15 連結し、次いで発現ベクターに組み込んで、これを宿主に導入し産生させることにより得られる（欧州特許出願公開番号EP 239400 、国際特許出願公開番号WO 96 /02576参照）。CDRを介して連結されるヒト抗体のFRは、相補性決定領域が良好な抗原結合部位を形成するものが選択される。必要に応じ、再構成ヒト抗体の相補性決定領域が適切な抗原結合部位を形成するように抗体の可変領域のフレームワ  
20 ーク領域のアミノ酸を置換してもよい（Sato, K. et al., Cancer Res. (1993) 53, 851-856）。

これらキメラ抗体やヒト型化抗体などについては、低分子化した後にキメラ化やヒト型化等を行ってもよいし、キメラ化やヒト型化等を行った後に低分子化を行ってもよい。

25 また、ヒト抗体の取得方法も知られている。例えば、ヒトリンパ球を *in vitro* で所望の抗原または所望の抗原を発現する細胞で感作し、感作リンパ球をヒトミ

- 12 -

- エローマ細胞、例えばU266と融合させ、抗原への結合活性を有する所望のヒト抗体を得ることもできる（特公平1-59878参照）。また、ヒト抗体遺伝子の全てのレパートリーを有するトランスジェニック動物を所望の抗原で免疫することで所望のヒト抗体を取得することができる（国際特許出願公開番号WO 93/12227, WO 92/03918, WO 94/02602, WO 94/25585, WO 96/34096, WO 96/33735参照）。さらに、ヒト抗体ライブラリーを用いて、パンニングによりヒト抗体を取得する技術も知られている。例えば、ヒト抗体の可変領域を一本鎖抗体（scFv）としてファージディスプレイ法によりファージの表面に発現させ、抗原に結合するファージを選択することができる。選択されたファージの遺伝子を解析すれば、抗原に結合するヒト抗体の可変領域をコードするDNA配列を決定することができる。抗原に結合するscFvのDNA配列が明らかになれば、当該配列を挿入した適当な発現ベクターを作製し、ヒト抗体を取得することができる。これらの方法は既に周知であり、WO 92/01047, WO 92/20791, WO 93/06213, WO 93/11236, WO 93/19172, WO 95/01438, WO 95/15388を参考にすることができる。
- 15     本発明の抗体は、ポリエチレングリコール（PEG）、放射性物質、トキシン等の各種分子と結合したコンジュゲート抗体でもよい。このようなコンジュゲート抗体は、得られた抗体に化学的な修飾を施すことによって得ることができる。なお、抗体の修飾方法はこの分野においてすでに確立されている。本発明における「抗体」にはこれらのコンジュゲート抗体も包含される。
- 20     本発明は、本発明の抗体をコードするDNAを包含する。又、該DNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、抗原への結合能及び活性を有する抗体をコードするDNAを包含する。ハイブリダイゼーション技術（Sambrook, J et al., Molecular Cloning 2nd ed., 9.47-9.58, Cold Spring Harbor Lab. press, 1989）は当業者に公知であり、ハイブリダイゼーションの条件は、当業者であれば適宜選
- 25     択することができる。ハイブリダイゼーションの条件としては、例えば、低ストリンジエントな条件が挙げられる。低ストリンジエントな条件とは、ハイブリダ



- 13 -

イゼーション後の洗浄において、例えば42°C、0.1×SSC、0.1%SDSの条件であり、好ましくは50°C、0.1×SSC、0.1%SDSの条件である。より好ましいハイブリダイゼーションの条件としては、高ストリンジェントな条件が挙げられる。高ストリンジェントな条件とは、例えば65°C、5×SSC及び0.1%SDSの条件である。これらの条件において、温度を上げる程に高い相同性を有するDNAが効率的に得られることが期待できる。但し、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーに影響する要素としては温度や塩濃度など複数の要素が考えられ、当業者であればこれら要素を適宜選択することで同様のストリンジェンシーを実現することが可能である。

10 本発明のDNAは、本発明の抗体の*in vivo*や*in vitro*における生産に利用される他、例えば、遺伝子治療などへの応用も考えられる。本発明のDNAは、本発明の抗体をコードするものであればいかなる形態でもよい。即ち、mRNAから合成されたcDNAであるか、ゲノムDNAであるか、化学合成DNAであるかなどを問わない。また、本発明の抗体をコードする限り、遺伝暗号の縮重に基づく任意の塩基配列  
15 を有するDNAが含まれる。

本発明の抗体は当業者に公知の方法により製造することができる。具体的には、目的とする抗体のDNAを発現ベクターへ組み込む。その際、発現制御領域、例えば、エンハンサー、プロモーターの制御のもとで発現するよう発現ベクターに組み込む。次に、この発現ベクターにより宿主細胞を形質転換し、抗体を発現させることができる。その際には、適当な宿主と発現ベクターの組み合わせを使用することができる。

ベクターの例としては、M13系ベクター、pUC系ベクター、pBR322、pBluescript、pCR-Scriptなどが挙げられる。また、cDNAのサブクローニング、切り出しを目的とした場合、上記ベクターの他に、例えば、pGEM-T、pDIRECT、pT7などが挙げられる。  
25 れる。

本発明の抗体を生産する目的においてベクターを使用する場合には、特に、発

- 14 -

現ベクターが有用である。発現ベクターとしては、例えば、大腸菌での発現を目的とした場合は、ベクターが大腸菌で増幅されるような上記特徴を持つほかに、宿主をJM109、DH5 $\alpha$ 、HB101、XL1-Blueなどの大腸菌とした場合においては、大腸菌で効率よく発現できるようなプロモーター、例えば、lacZプロモーター（Ward  
5 ら, Nature (1989) 341, 544-546 ; FASEB J. (1992) 6, 2422-2427）、araBプロモーター（Betterら, Science (1988) 240, 1041-1043）、またはT7プロモーターなどを持っていることが不可欠である。このようなベクターとしては、上記ベクターの他にpGEX-5X-1（ファルマシア社製）、「QIAexpress system」（キアゲン社製）、pEGFP、またはpET（この場合、宿主はT7 RNAポリメラーゼを発現しているBL21が好ましい）などが挙げられる。  
10

また、ベクターには、ポリペプチド分泌のためのシグナル配列が含まれていてもよい。ポリペプチド分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelBシグナル配列（Lei, S. P. et al J. Bacteriol. (1987) 169, 4379）を使用すればよい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば塩化カルシウム法、エレクトロポレーション法を用いて行うことができる。  
15

大腸菌以外にも、例えば、本発明のポリペプチドを製造するためのベクターとしては、哺乳動物由来の発現ベクター（例えば、pcDNA3（インビトロゲン社製）や、pEGF-BOS（Nucleic Acids. Res. 1990, 18(17), p5322）、pEF、pCDM8）、昆虫細胞由来の発現ベクター（例えば「Bac-to-BAC baculovirus expression system」（ギブコBRL社製）、pBacPAK8）、植物由来の発現ベクター（例えばpMH1、pMH2）、動物ウイルス由来の発現ベクター（例えば、pHSV、pMV、pAdexLcw）、レトロウイルス由来の発現ベクター（例えば、pZIPneo）、酵母由来の発現ベクター（例えば、「Pichia Expression Kit」（インビトロゲン社製）、pNV11、SP-Q01）、枯草菌由来の発現ベクター（例えば、pPL608、pKTH50）が挙げられる。  
20

CHO細胞、COS細胞、NIH3T3細胞等の動物細胞での発現を目的とした場合には、細胞内で発現させるために必要なプロモーター、例えばSV40プロモーター（Mulli  
25

- 15 -

ganら, Nature (1979) 277, 108)、MMLV-LTRプロモーター、EF1 $\alpha$ プロモーター  
(Mizushimaら, Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322)、CMVプロモーターなど  
を持っていることが不可欠であり、細胞への形質転換を選抜するための遺伝子  
(例えば、薬剤(ネオマイシン、G418など)により判別できるような薬剤耐性遺  
5 伝子)を有すればさらに好ましい。このような特性を有するベクターとしては、  
例えば、pMAM、pDR2、pBK-RSV、pBK-CMV、pOPRSV、pOP13などが挙げられる。

さらに、遺伝子を安定的に発現させ、かつ、細胞内での遺伝子のコピー数の増  
幅を目的とする場合には、核酸合成経路を欠損したCHO細胞にそれを相補するDHFR  
遺伝子を有するベクター(例えば、pCHOIなど)を導入し、メトトレキセート(MT  
10 X)により増幅させる方法が挙げられ、また、遺伝子の一過性の発現を目的とする  
場合には、SV40 T抗原を発現する遺伝子を染色体上に持つCOS細胞を用いてSV40の  
複製起点を持つベクター(pcDなど)で形質転換する方法が挙げられる。複製開始  
点としては、また、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、ウシパピローマウィ  
ルス(BPV)等の由来のものを用いることもできる。さらに、宿主細胞系で遺伝子  
15 コピー数増幅のため、発現ベクターは選択マーカーとして、アミノグリコシドト  
ランスフェラーゼ(APH)遺伝子、チミジンキナーゼ(TK)遺伝子、大腸菌キサン  
チングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(Ecogpt)遺伝子、ジヒドロ葉  
酸還元酵素(dhfr)遺伝子等を含むことができる。

一方、動物の生体内で本発明のDNAを発現させる方法としては、本発明のDNAを  
20 適当なベクターに組み込み、例えば、レトロウイルス法、リポソーム法、カチオ  
ニックリポソーム法、アデノウイルス法などにより生体内に導入する方法などが  
挙げられる。用いられるベクターとしては、例えば、アデノウイルスベクター  
(例えばpAdex1cw)やレトロウイルスベクター(例えばpZIPneo)などが挙げられ  
るが、これらに制限されない。ベクターへの本発明のDNAの挿入などの一般的な遺  
25 伝子操作は、常法に従って行うことが可能である(Molecular Cloning, 5.61-5.6  
3)。生体内への投与は、*ex vivo*法であっても、*in vivo*法であってもよい。

- 16 -

また、本発明は、本発明のベクターが導入された宿主細胞を提供する。本発明のベクターが導入される宿主細胞としては特に制限はなく、例えば、大腸菌や種々の動物細胞などを用いることが可能である。本発明の宿主細胞は、例えば、本発明の抗体の製造や発現のための産生系として使用することができる。ポリペ  
5 プチド製造のための産生系は、*in vitro*および*in vivo*の産生系がある。*in vitro*の産生系としては、真核細胞を使用する産生系や原核細胞を使用する産生系が挙げられる。

真核細胞を使用する場合、例えば、動物細胞、植物細胞、真菌細胞を宿主に用いることができる。動物細胞としては、哺乳類細胞、例えば、CHO (J. Exp. Med.  
10 (1995) 108, 945)、COS、3T3、ミエローマ、BHK (baby hamster kidney)、HeLa、Vero、両生類細胞、例えばアフリカツメガエル卵母細胞 (Valle, et al., Nature (1981) 291, 358-340)、あるいは昆虫細胞、例えば、Sf9、Sf21、Tn5が知られている。CHO細胞としては、特に、DHFR遺伝子を欠損したCHO細胞であるdhfr-CHO (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1980) 77, 4216-4220) やCHO K-1 (Proc. Natl.  
15 Acad. Sci. USA (1968) 60, 1275) を好適に使用することができる。動物細胞において、大量発現を目的とする場合には特にCHO細胞が好ましい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば、リン酸カルシウム法、DEAEデキストラン法、カチオンリポソームDOTAP (ベーリンガーマンハイム社製) を用いた方法、エレクトロポレーション法、リポフェクションなどの方法で行うことが可能である。

20 植物細胞としては、例えば、ニコチアナ・タバカム (*Nicotiana tabacum*) 由来の細胞がポリペプチド生産系として知られており、これをカルス培養すればよい。真菌細胞としては、酵母、例えば、サッカロミセス (*Saccharomyces*) 属、例えば、サッカロミセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、糸状菌、例えば、アスペルギルス (*Aspergillus*) 属、例えば、アスペルギルス・ニガー (*Aspergil  
25 lus niger*) が知られている。

原核細胞を使用する場合、細菌細胞を用いる産生系がある。細菌細胞としては、

- 17 -

大腸菌 (*E. coli*)、例えば、JM109、DH5 $\alpha$ 、HB101等が挙げられ、その他、枯草菌が知られている。

これらの細胞を目的とするDNAにより形質転換し、形質転換された細胞を *in vitro* で培養することにより抗体が得られる。培養は、公知の方法に従い行うことができる。例えば、動物細胞の培養液として、例えば、DMEM、MEM、RPMI1640、IMDM  
5 を使用することができる。その際、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することもできるし、無血清培養してもよい。培養時のpHは、約6~8であるのが好ましい。培養は、通常、約30~40℃で約15~200時間行い、必要に応じて培地の交換、通気、攪拌を加える。

10 一方、*in vivo* でポリペプチドを産生させる系としては、例えば、動物を使用する産生系や植物を使用する産生系が挙げられる。これらの動物又は植物に目的とするDNAを導入し、動物又は植物の体内でポリペプチドを産生させ、回収する。本発明における「宿主」とは、これらの動物、植物を包含する。

動物を使用する場合、哺乳類動物、昆虫を用いる産生系がある。哺乳類動物と  
15 しては、ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシを用いることができる (Vicki Glaser, SPECTRUM Biotechnology Applications, 1993)。また、哺乳類動物を用いる場合、トランスジェニック動物を用いることができる。

例えば、目的とするDNAを、ヤギ $\beta$ カゼインのような乳汁中に固有に産生されるポリペプチドをコードする遺伝子との融合遺伝子として調製する。次いで、この  
20 融合遺伝子を含むDNA断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ移植する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギ又はその子孫が産生する乳汁から、目的の抗体を得ることができる。トランスジェニックヤギから産生されるポリペプチドを含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい (Ebert, K.M. et al., Bio/Technology (1994) 12,  
25 699-702)。

また、昆虫としては、例えばカイコを用いることができる。カイコを用いる場



- 18 -

合、目的のDNAを挿入したバキュロウィルスのカイコに感染させることにより、このカイコの体液から目的のポリペプチドを得ることができる (Susumu, M. et al., Nature (1985) 315, 592-594)。

さらに、植物を使用する場合、例えばタバコを用いることができる。タバコを用いる場合、目的のDNAを植物発現用ベクター、例えばpMON 530に挿入し、このベクターをアグロバクテリウム・ツメファシエンス (*Agrobacterium tumefaciens*) のようなバクテリアに導入する。このバクテリアをタバコ、例えば、ニコチアナ・タバカム (*Nicotiana tabacum*) に感染させ、本タバコの葉より所望のポリペプチドを得ることができる (Julian K.-C. Ma et al., Eur. J. Immunol. (1994) 24, 131-138)。

これにより得られた本発明の抗体は、宿主細胞内または細胞外 (培地など) から単離し、実質的に純粋で均一な抗体として精製することができる。抗体の分離、精製は、通常の抗体の精製で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何ら限定されるものではない。例えば、クロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、溶媒沈殿、溶媒抽出、蒸留、免疫沈降、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動、等電点電気泳動法、透析、再結晶等を適宜選択、組み合わせれば抗体を分離、精製することができる。

クロマトグラフィーとしては、例えばアフィニティークロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、ゲル濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる (Strategies for Protein Purification and Characterization: A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーは、液相クロマトグラフィー、例えばHPLC、FPLC等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。本発明は、これらの精製方法を用い、高度に精製された抗体も包含する。

本発明において、抗体の抗原結合活性 (Antibodies A Laboratory Manual. Ed H

- 19 -

arlow, David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)の測定には公知の手段を使用することができる。例えば、ELISA（酵素結合免疫吸着検定法）、EIA（酵素免疫測定法）、RIA（放射免疫測定法）あるいは蛍光免疫法などを用いることができる。

- 5      本発明において、本発明の抗体が腫瘍細胞に対してアポトーシスを誘導するかどうかは、実施例と同様にしてDaudi細胞又はRaji細胞に対して細胞死を誘導するかどうかにより判定することができる。

- また、本発明は、本発明の低分子化抗体を有効成分として含有する、アポトーシス誘導剤または抗腫瘍剤を提供する。本発明の低分子化抗体のこれら活性は、
- 10      リンパ腫細胞または白血病細胞で特に効果が大きいと考えられるので、癌などの腫瘍（特に血液腫瘍）の治療や予防に特に有効であると考えられる。低分子化されていない抗CD22抗体を有効成分として用いる場合には、抗IgG抗体などでクロスリンクすることが好ましい。

- 上記抗体には各種試薬を結合してコンジュゲート抗体として使用することもできる。このような試薬としては、化学療法剤、放射性物質、トキシンなどを挙げ
- 15      ることができる。このようなコンジュゲート抗体は公知の方法により作製することができる（US5057313、US5156840）。

- 上記薬剤は、直接患者に投与する以外に、公知の製剤学的方法により製剤化した医薬組成物として投与を行うことも可能である。例えば、必要に応じて糖衣を
- 20      施した錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤として経口的に、あるいは水もしくはそれ以外の薬学的に許容し得る液との無菌性溶液、又は懸濁液剤の注射剤の形で非経口的に使用できる。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤、界面活性剤、安定剤、香味剤、賦形剤、ベヒクル、防腐剤、結合剤などと適宜組み合わせ
- 25      わせて、一般に認められた製薬実施に要求される単位用量形態で混和することによって製剤化することが考えられる。これら製剤における有効成分量は指示され

- 20 -

た範囲の適当な容量が得られるようにするものである。

- 錠剤、カプセル剤に混和することができる添加剤としては、例えばゼラチン、コーンスターチ、トラガントガム、アラビアゴムのような結合剤、結晶性セルロースのような賦形剤、コーンスターチ、ゼラチン、アルギン酸のような膨化剤、
- 5    ステアリン酸マグネシウムのような潤滑剤、ショ糖、乳糖又はサッカリンのような甘味剤、ペパーミント、アカモノ油又はチェリーのような香味剤が用いられる。調剤単位形態がカプセルである場合には、上記の材料にさらに油脂のような液状担体を含有することができる。注射のための無菌組成物は注射用蒸留水のようなベヒクルを用いて通常の製剤実施に従って処方することができる。
- 10    注射用の水溶液としては、例えば生理食塩水、ブドウ糖やその他の補助薬を含む等張液、例えばD-ソルビトール、D-マンノース、D-マンニトール、塩化ナトリウムが挙げられ、適当な溶解補助剤、例えばアルコール、具体的にはエタノール、ポリアルコール、例えばプロピレングリコール、ポリエチレングリコール、非イオン性界面活性剤、例えばポリソルベート80 (TM)、HCO-50と併用してもよい。
- 15    油性液としてはゴマ油、大豆油があげられ、溶解補助剤として安息香酸ベンジル、ベンジルアルコールと併用してもよい。また、緩衝剤、例えばリン酸塩緩衝液、酢酸ナトリウム緩衝液、無痛化剤、例えば、塩酸プロカイン、安定剤、例えばベンジルアルコール、フェノール、酸化防止剤と配合してもよい。調製された注射液は通常、適当なアンプルに充填させる。
- 20    患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射などのほか、鼻腔内的、経気管支的、筋内的、経皮的、または経口的に当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、
- 25    遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。

- 21 -

本発明の薬剤の投与量は、その1回投与量は投与対象、対象臓器、症状、投与方法によっても異なるが、例えば注射剤の形では通常成人（体重60kgとして）においては、1日あたり約0.1から1000mg、好ましくは約1.0から50mg、より好ましくは約1.0から20mgであると考えられる。

- 5 非経口的に投与する場合は、その1回投与量は投与対象、対象臓器、症状、投与方法によっても異なるが、例えば注射剤の形では通常成人（体重60kgとして）においては、通常、1日当り約0.01から30mg、好ましくは約0.1から20mg、より好ましくは約0.1から10mg程度を静脈注射により投与するのが好都合であると考えられる。他の動物の場合も、体重60kg当りに換算した量、あるいは体表面積あた
- 10 りに換算した量を投与することができる。

#### 図面の簡単な説明

図1は、LL2diabodyの塩基配列およびアミノ酸配列を示す図である。

図2は、RFB4diabodyの塩基配列およびアミノ酸配列を示す図である。

- 15 図3は、diabodyの精製を示す写真である。精製した各diabodyをSDS-PAGEし、CBB染色、または、抗Flag抗体でウエスタンブロットを行った。その結果、いずれのdiabodyも完全ではないがほぼ精製されていることが確認された。

図4は、各diabodyのRaji細胞への結合能の確認を示す図である。精製した各diabodyの、Raji細胞への結合能について解析を行った。その結果、いずれのdiabodyもRaji細胞へ結合することが確認された。結合活性はLL2diabodyよりもRFB4diabodyの方が強かった。ただしLL2抗体は細胞内へのinternalize活性が高いことが報告されているため、多くのLL2diabodyは細胞に結合後、細胞内に取り込まれてしまっている可能性が予想される。

20

図5は、各diabodyによる細胞傷害活性の解析を示す図である。CD22を高度に発現することが知られている2種類のBリンパ腫細胞株、Daudi、Rajiに対するCD22diabodyの細胞傷害活性を測定した。それぞれのdiabodyを各濃度（図中に示す）で

25

- 22 -

細胞に添加し、20時間後に細胞をPIで染色することで、死細胞の割合を測定した。その結果、いずれのCD22diabodyもBリンパ腫細胞株に対して、細胞死を誘導していることが確認された。この結果より、diabody化した抗CD22抗体が、単独でBリンパ腫細胞株に対して細胞死を誘導できることが証明された。

5

#### 発明を実施するための最良の形態

以下、本発明を実施例により、さらに具体的に説明するが本発明はこれら実施例に制限されるものではない。

#### 〔実施例1〕 CD22diabody発現ベクターの作製

10 既に公開されている二種類の抗CD22抗体、すなわちLL2（特許第3053873号）、RFB4（JP 2002501488-A）の配列情報をもとに、重鎖と軽鎖の可変領域を5merのリンカーで連結させたCD22diabodyの塩基配列をそれぞれ設計した。（LL2diabody、RFB4diabody）。図1（配列番号：1、2）および図2（配列番号：3、4）に、それぞれのdiabodyの配列を示す（リンカーをアンダーライン、Flag-tagを波線で示す）。

15

設計したLL2diabody、及び、RFB4diabodyをコードするcDNAを合成するため、各diabodyにつきそれぞれ12種類ずつオリゴDNAを作製した（エスベックオリゴサービス株式会社）。配列番号：13から36に使用した合成DNAの配列を示す。

DiabodyをコードするcDNAは以下のとおりに合成した。まず、各オリゴDNA2本ずつを適切な組み合わせで混合しそれぞれをチューブ内でアニール、および伸長反応させることで、150bp程度のDNA断片を作製した。続いて得られたDNA断片同士によるrecombination反応を数回繰り返すことで、最終的に約800bpからなるcDNAの合成を行った。

20

合成して得られた各cDNAをEcoRI-NotI切断し、動物細胞発現ベクターpCXND3のEcoRI-NotI間に挿入した。塩基配列を確認し、LL2diabody発現ベクター（pCXND3-LL2DB）および、RFB4diabody発現ベクター（pCXND3-RFB4DB）の構築を終了した。

25



- 23 -

## 〔実施例 2〕 CD22diabodyの精製

## (1) LL2diabody発現細胞株の樹立と培養上清の回収

PvuIで切断し、直鎖化したpCXND3-LL2DB 20  $\mu$ gをDG44細胞に以下のようにelectroporation法により導入した。DG44細胞をice-cold PBSで2回洗浄した後 $1 \times 10^7$ /ml  
5 になるようにPBSに懸濁した。これに20  $\mu$ gの上記プラスミドを混合し、電気パルス（1.5KV, 25  $\mu$ FD）を与えた。適当な割合で細胞を希釈し96well plateに撒きこみ、終濃度500  $\mu$ g/ml G418 (GIBCO)存在下で培養を行った。生育したコロニーを含むwellより～30クローンほどピックアップし、それら培養上清中のdiabodyの発現をウエスタンブロットにより調べた。発現の認められたクローンを拡大後、これ  
10 をLL2diabody高産生細胞株とした。T-175フラスコ中でコンフルエントになったLL2diabody高産生細胞株を2本のローラーボトル(CHO-S-SFMII培地(GIBCO) 250ml)に移し、5日後に培養上清を回収した。遠心によって死細胞を除去した後、0.45  $\mu$ mのフィルターを通してこれをLL2diabodyの精製に用いた。

## (2) RFB4diabodyのcos7での一過性発現と培養上清の回収

15 pCXND3-RFB4DB 20  $\mu$ gをCOS7細胞に以下のようにelectroporation法により導入した。COS7細胞をice-cold PBSで2回洗浄した後 $1 \times 10^7$ /mlになるようにPBSに懸濁した。これに20  $\mu$ gの上記プラスミドを混合し、電気パルス（220V, 950  $\mu$ FD）を与えた。その後全細胞をT-225フラスコ3本に巻き込み(DMEM+10%FCS)、3日後に培養上清を回収した。遠心によって死細胞を除去した後、0.45  $\mu$ mのフィルターを通してこれをRFB42diabodyの精製に用いた。  
20

## (3) diabodyの精製

diabodyの精製は以下のとおり行った。回収した各培養上清にAnti-Flag M2 Agarose (SIGMA)を加え、一晚4℃で混合することによりdiabodyを吸着させた。Anti-Flag M2 Agarose を遠心により回収しPBSで数回洗浄した後、溶出Buffer (100mM  
25 Glycine H3.5, 0.01% Tween 20)でdiabodyを溶出した。回収したサンプルは直ちに終濃度25mMになるようにTris-HCl pH8.0で中和した。これを濃縮し、0.01% Twe

- 24 -

en 20を含むPBSにバッファー置換した。回収したサンプルの一部をSDS電気泳動し、抗FLAG抗体によるウェスタンブロット、および、クマシー染色を行い、目的の蛋白が精製されていることを確認した。

〔実施例3〕 CD22diabodyのリンパ腫細胞への結合の確認

- 5 精製したLL2diabody、または、RFB4diabodyを2%FCS, 0.02%NaN<sub>3</sub>を含むPBS中でそれぞれ終濃度が20 μg/ml、8 μg/mlになるようにBリンパ腫細胞株Raji細胞に加え、氷上で1時間反応させた。続いて、抗Flag M2抗体を加え、さらに氷上で1時間反応させた。細胞を洗浄後、FITC-抗マウスIgGと氷上で30分反応させた後、細胞表面への結合をflow cytometryを用いて測定した (EPICS ELITE, COULTER)。

10 〔実施例4〕 CD22diabodyによるリンパ腫細胞の細胞死誘導活性の解析

- Bリンパ腫細胞株、Raji、及び、Daudiを、2～5 X 10<sup>5</sup> cells/wellになるように24 well plateに細胞を撒いた。これに、精製したLL2diabody、またはRFB4diabodyを添加し37℃で培養を続けた。20時間後細胞を回収し、PIを加え室温で15分反応させることで死細胞をラベルした。その後、flow cytometryを用いて染色された
- 15 死細胞の割合を測定した (EPICS ELITE, COULTER)。

産業上の利用の可能性

- 本発明によって、高比活性の低分子化抗体を提供できるものと期待される。該低分子化抗体を使用することで、短い半減期でも十分な薬効が期待でき、さらに、
- 20 薬効と毒性の乖離が可能になるものと期待できる。また、臨床投与量の低減化および生産コストの低減化など、コスト全体の低減化が図れるので抗体医薬品の開発上問題になる経済面問題の改善もまた期待される。

- 25 -

請求の範囲

1. CD22を認識する低分子化抗体。
2. Diabodyである請求項1に記載の低分子化抗体。
- 5 3. 以下の(a)～(f)のいずれかに記載の低分子化抗体。
  - (a) 配列番号：1または3に記載のアミノ酸配列を有する低分子化抗体。
  - (b) 配列番号：1または3に記載のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、(a)に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。  
10
  - (c) 配列番号：5のCDRおよび配列番号：7のCDRのアミノ酸配列を有する低分子化抗体。
  - (d) 配列番号：5のCDRおよび配列番号：7のCDRのアミノ酸配列において、1もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および／または付  
15 加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、(c)に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。
  - (e) 配列番号：9のCDRおよび配列番号：11のCDRのアミノ酸配列を有する低分子化抗体。
  - (f) 配列番号：9のCDRおよび配列番号：11のCDRのアミノ酸配列におい  
20 て、1もしくは複数のアミノ酸配列が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列を有する低分子化抗体であって、(c)に記載の低分子化抗体と機能的に同等な低分子化抗体。
4. CD22を認識する抗体を低分子化することによって、活性が上昇した抗体を製造する方法。
- 25 5. 低分子化がDiabody化である、請求項4に記載の方法。
6. 活性がアポトーシス誘導活性である、請求項4または5に記載の方法。

- 26 -

7. 請求項 1 ～ 3 のいずれかに記載の低分子化抗体、請求項 4 ～ 6 のいずれかに記載の方法によって製造される低分子化抗体を有効成分として含有する、アポトーシス誘導剤。
8. 腫瘍細胞に対するアポトーシスを誘導する、請求項 7 に記載のアポトーシス誘導剤。
9. 腫瘍細胞がリンパ腫細胞または白血病細胞である、請求項 8 に記載のアポトーシス誘導剤。
10. 請求項 1 ～ 3 のいずれかに記載の低分子化抗体、請求項 4 ～ 6 のいずれかに記載の方法によって製造される低分子化抗体を有効成分として含有する、抗腫瘍剤。
11. 腫瘍が血液腫瘍である、請求項 10 に記載の抗腫瘍剤。
12. 抗体がDiabodyである、請求項 7 から 9 のいずれかに記載のアポトーシス誘導剤。
13. 抗体がDiabodyである、請求項 10 または 11 に記載の抗腫瘍剤。





2 / 5

图 2

10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
cctgaattccaccatgaactttgggctcagattgattttccttgtccttactttaaaaggtgtgaagtgtgaagtgcagctgggtggagtctgggggagggc									
M N F G L R L I F L V L T L K G V K C E V Q L V E S G G G									
110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
ttagtgaagcctggaggggccctgaaactctcctgtgcagcctctggattcgctttcagtatctatgacatgtcttgggttcgccagactccggagaaga									
L V K P G G S L K L S C A A S G F A F S I Y D M S W V R Q T P E K R									
210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
ggctggagtgggtcgcatacattagtagtggtgggtggtaccacctactatccagacactgtgaagggccgattcaccatctccagagacaatgccaaaga									
L E W V A Y I S S G G G T T Y Y P D T V K G R F T I S R D N A K N									
310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
caccctgtacctgcaaatgagcagctctgaagtctgaggacacagccatgtattactgtgcaagacatagtggtctacggtagtagctacggggttttgttt									
T L Y L Q M S S L K S E D T A M Y Y C A R H S G Y G S S Y G V L F									
410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
gcttactggggccaagggactctgggtcactgtctctgcaggtggaggcggttagcgatatccagatgaccagactacatcctcctgtctgcctctctgg									
A Y W G Q G T L V T V S A <u>G G G G S</u> D I Q M T Q T T S S L S A S L G									
510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
gagacagagtcaccattagttgcagggcaagtcaggacattagcaattattttaactgggtatcagcagaaaccagatggaactgttaaactcctgatcta									
D R V T I S C R A S Q D I S N Y L N W Y Q Q K P D G T V K L L I Y									
610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
ctacacatcaatattacactcaggagtcacctcaaagttcagtggtggtggtctggaacagattattctctcaccattagcaacctggagcaagaagat									
Y T S I L H S G V P S K F S G S G S G T D Y S L T I S N L E Q E D									
710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
tttgcacttacttttgccaacagggtaatacgttcgtggacgttcggtggaggcaccaagctggaaatcaaagactacaaggatgacgacgataagt									
F A T Y F C Q Q G N T L P W T F G G G T K L E I K <u>D Y K D D D D K</u> *									
810	820								
gataagcgccgcaat									

図 3

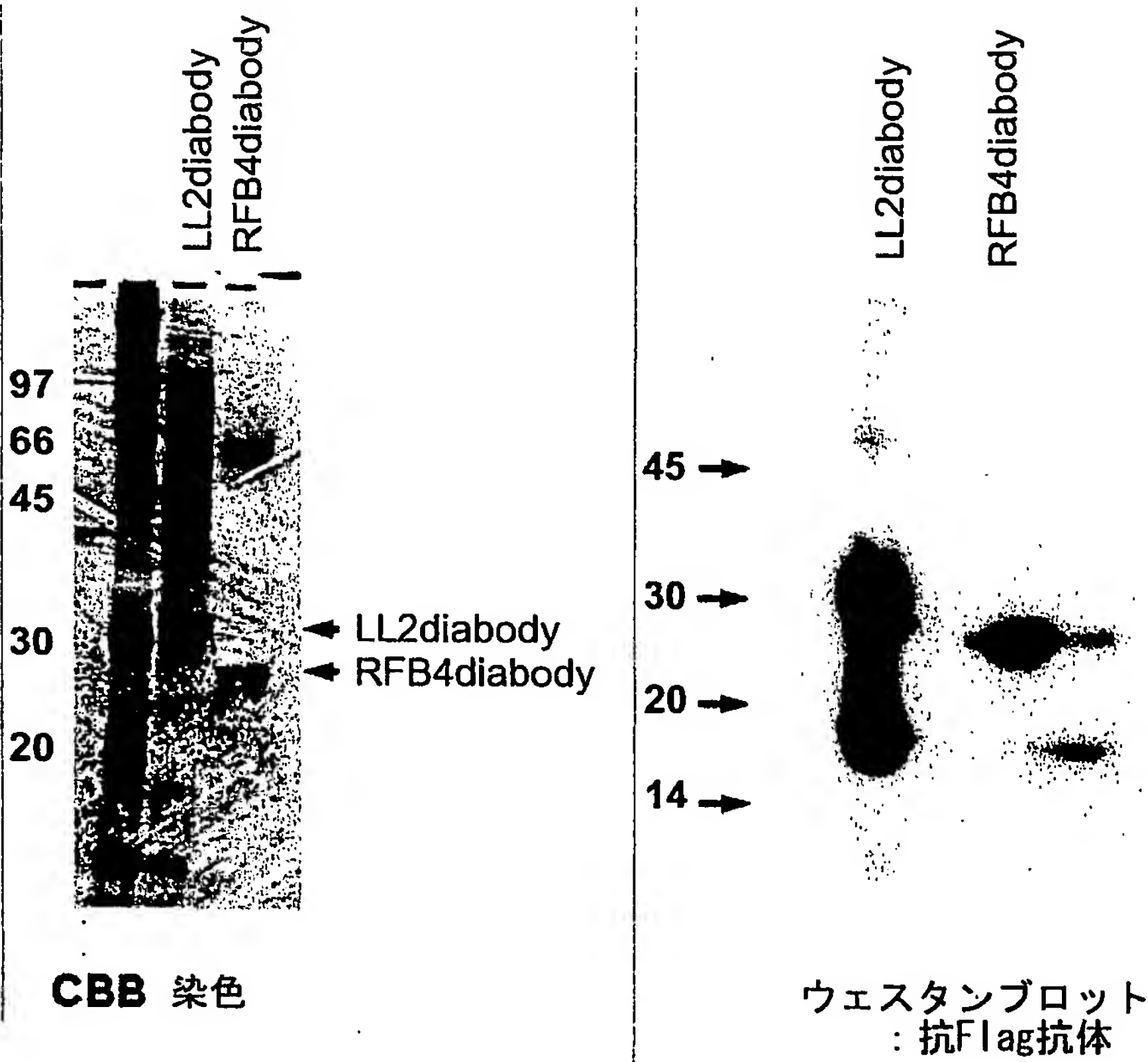
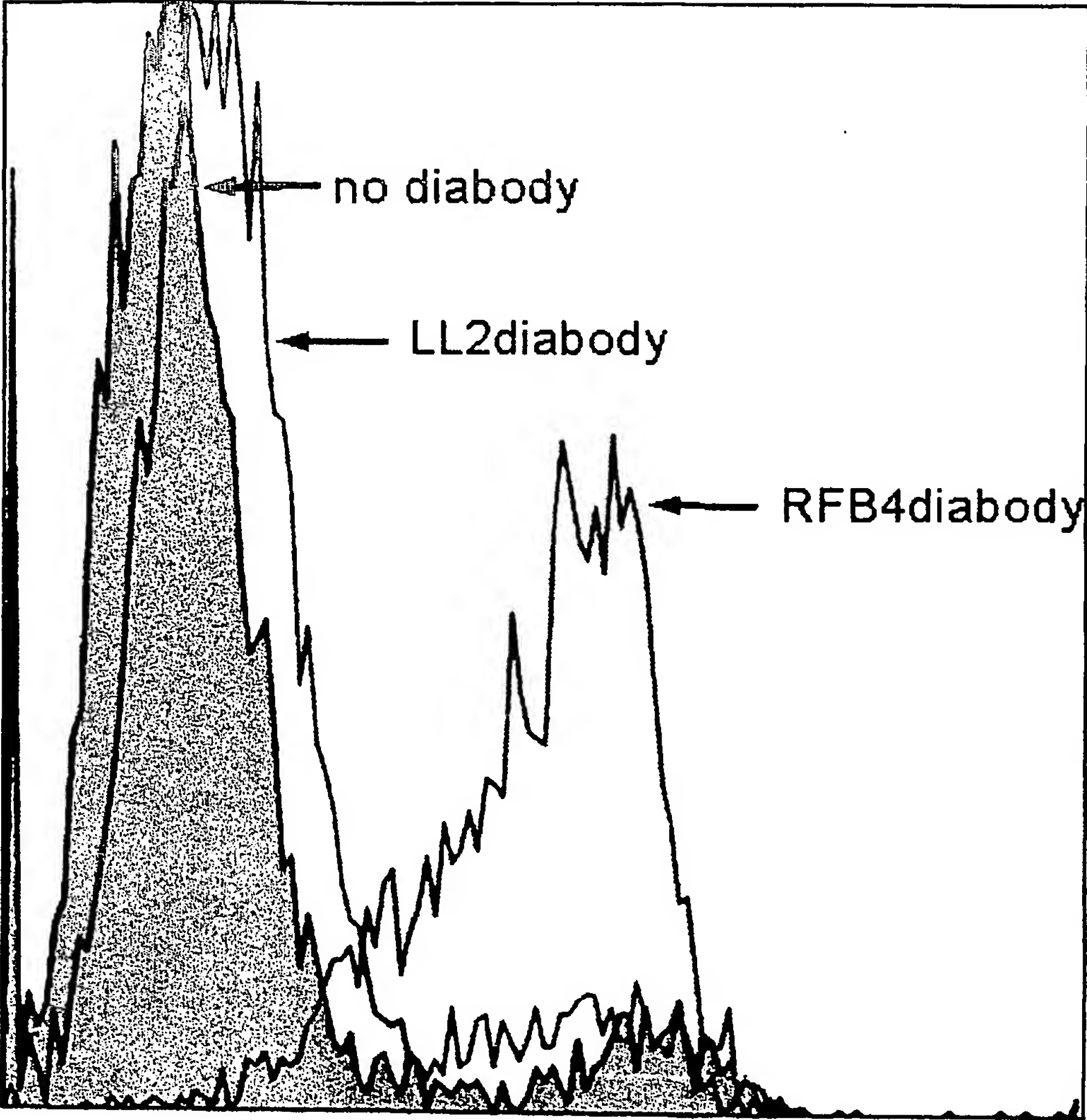


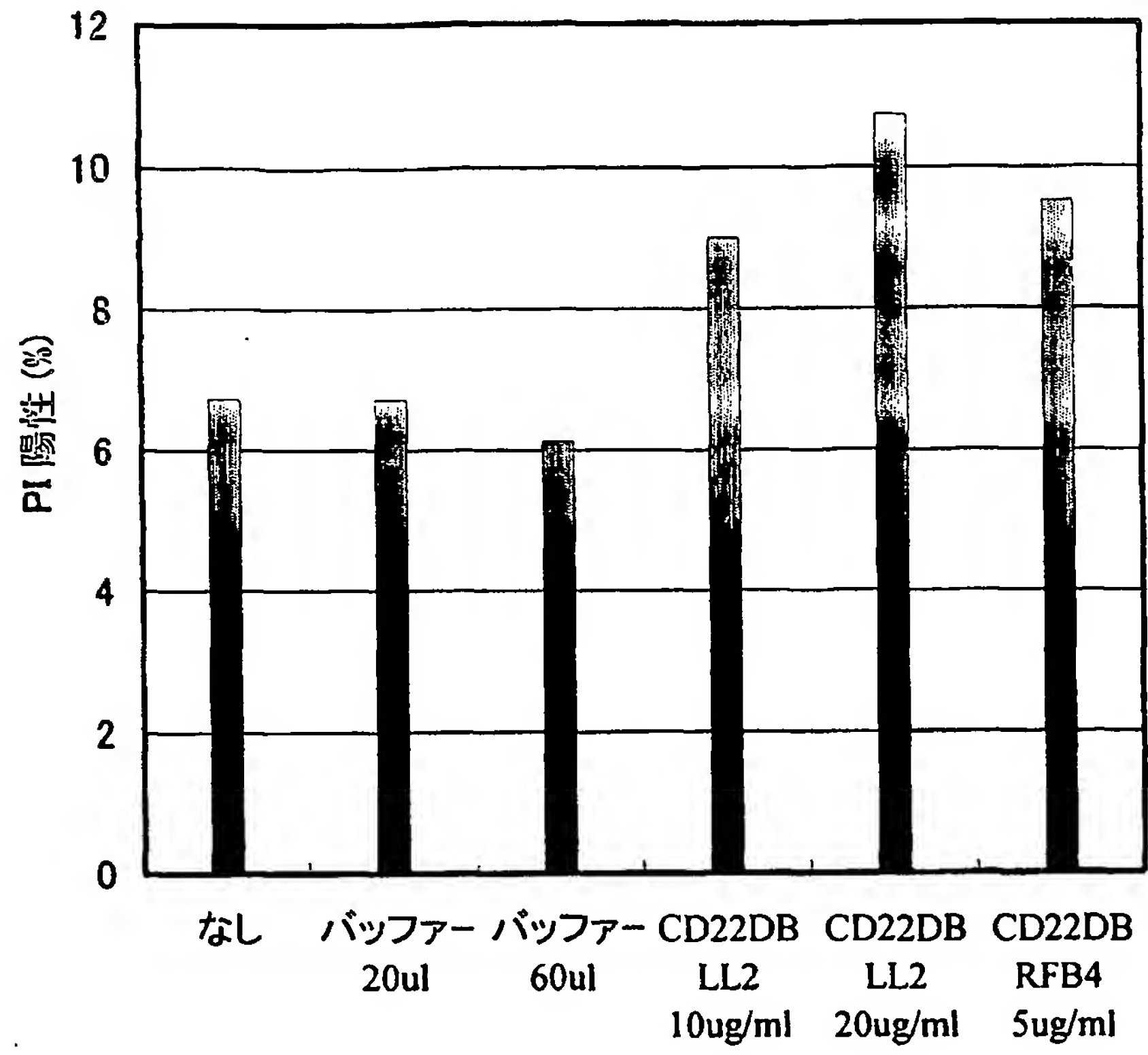
図 4



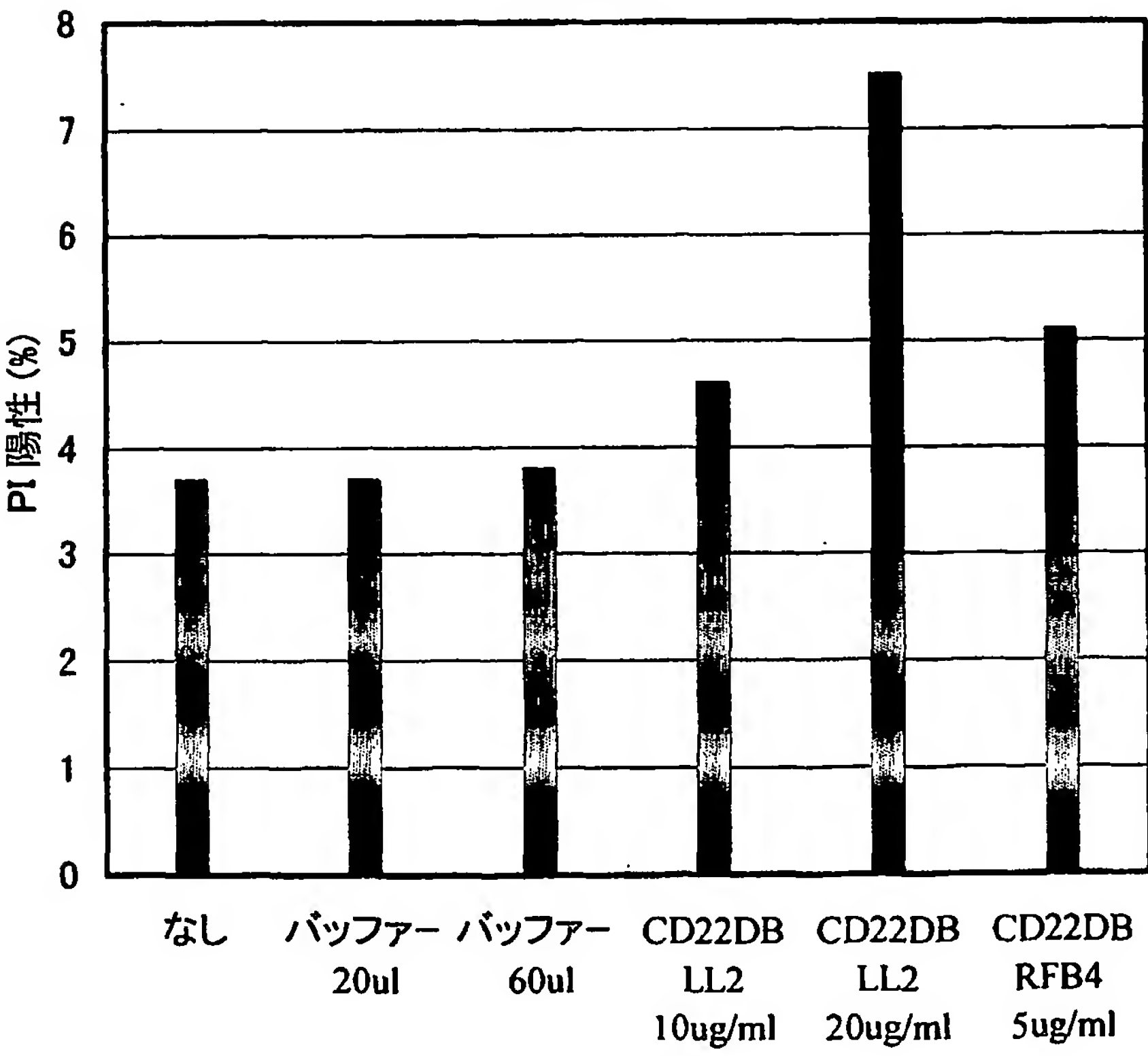
5 / 5

図 5

*Daudi*



*Raji*



1 / 37

SEQUENCE LISTING

<110> CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI KAISHA

<120> Genetically engineered-antibodies against CD22 and use thereof

<130> C1-A0305P

<150> JP 2003-96950

<151> 2003-03-31

<160> 36

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 260

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> an artificially synthesized peptide sequence

<400> 1

Met Glu Arg His Trp Ile Phe Leu Phe Leu Phe Ser Val Thr Ala Gly

1

5

10

15



2 / 37

Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Ser Lys

20

25

30

Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35

40

45

Thr Ser Tyr Trp Leu His Trp Ile Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu

50

55

60

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Arg Asn Asp Tyr Thr Glu Tyr Asn

65

70

75

80

Gln Asn Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser

85

90

95

Thr Ala Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val

100

105

110

Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Asp Ile Thr Thr Phe Tyr Trp Gly Gln Gly

115

120

125

Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu

130

135

140

Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Ala Gly Glu Asn Val Thr

3 / 3 7

145                      150                      155                      160

Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ala Asn His Lys

                         165                      170                      175

Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu

                         180                      185                      190

Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

                         195                      200                      205

Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val

                         210                      215                      220

Gln Val Glu Asp Leu Ala Ile Tyr Tyr Cys His Gln Tyr Leu Ser Ser

225                      230                      235                      240

Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp

                         245                      250                      255

Asp Asp Asp Lys

                         260

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 810

4 / 3 7

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (14).. (799)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 2

cctgaattcc acc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctc ttc ctg ttt tca 49

Met Glu Arg His Trp Ile Phe Leu Phe Leu Phe Ser

1

5

10

gta act gca ggt gtc cac tcc cag gtc cag ctg cag gag tca ggg gct 97

Val Thr Ala Gly Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Ala

15

20

25

gaa ctg tca aaa cct ggg gcc tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct 145

Glu Leu Ser Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser

30

35

40

ggc tac acc ttt act agc tac tgg ctg cac tgg ata aaa cag agg cct 193

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Trp Leu His Trp Ile Lys Gln Arg Pro

5 / 3 7

45

50

55

60

gga cag ggt ctg gaa tgg att gga tac att aat cct agg aat gat tat 241

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Arg Asn Asp Tyr

65

70

75

act gag tac aat cag aac ttc aag gac aag gcc aca ttg act gca gac 289

Thr Glu Tyr Asn Gln Asn Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp

80

85

90

aaa tcc tcc agc aca gcc tac atg caa ctg agc agc ctg aca tct gag 337

Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu

95

100

105

gac tct gca gtc tat tac tgt gca aga agg gat att act acg ttc tac 385

Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Asp Ile Thr Thr Phe Tyr

110

115

120

tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tcg ggt gga ggc ggt agc 433

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser

125

130

135

140

gac att cag ctg acc cag tct cca tca tct ctg gct gtg tct gca gga 481

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Ala Gly

145

150

155

6 / 3 7

gaa aac gtc act atg agc tgt aag tcc agt caa agt gtt tta tac agt 529

Glu Asn Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser

160

165

170

gca aat cac aag aac tac ttg gcc tgg tac cag cag aaa cca ggg cag 577

Ala Asn His Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

175

180

185

tct cct aaa ctg ctg atc tac tgg gca tcc act agg gaa tct ggt gtc 625

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

190

195

200

cct gat cgc ttc aca ggc agc gga tct ggg aca gat ttt act ctt acc 673

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

205

210

215

220

atc agc aga gta caa gtt gaa gac ctg gca att tat tat tgt cac caa 721

Ile Ser Arg Val Gln Val Glu Asp Leu Ala Ile Tyr Tyr Cys His Gln

225

230

235

tac ctc tcc tcg tgg acg ttc ggt gga ggg acc aag ctg gag atc aaa 769

Tyr Leu Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

240

245

250

gac tac aag gat gac gac gat aag tga taa gcggccgcaa t 810

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys



7 / 3 7

255

260

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 262

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized peptide sequence

&lt;400&gt; 3

Met Asn Phe Gly Leu Arg Leu Ile Phe Leu Val Leu Thr Leu Lys Gly

1

5

10

15

Val Lys Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys

20

25

30

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ala Phe

35

40

45

Ser Ile Tyr Asp Met Ser Trp Val Arg Gln Thr Pro Glu Lys Arg Leu

50

55

60

Glu Trp Val Ala Tyr Ile Ser Ser Gly Gly Gly Thr Thr Tyr Tyr Pro

65

70

75

80

8 / 37

Asp Thr Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn  
85 90 95

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met  
100 105 110

Tyr Tyr Cys Ala Arg His Ser Gly Tyr Gly Ser Ser Tyr Gly Val Leu  
115 120 125

Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala Gly Gly  
130 135 140

Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala  
145 150 155 160

Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile  
165 170 175

Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys  
180 185 190

Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Leu His Ser Gly Val Pro Ser Lys  
195 200 205

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn

9 / 3 7

210	215	220	
Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr			
225	230	235	240
Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr			
	245	250	255
Lys Asp Asp Asp Asp Lys			
	260		

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 816

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (14)..(805)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 4

10 / 37

cctgaattcc acc atg aac ttt ggg ctc aga ttg att ttc ctt gtc ctt 49  
Met Asn Phe Gly Leu Arg Leu Ile Phe Leu Val Leu  
1 5 10

act tta aaa ggt gtg aag tgt gaa gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga 97  
Thr Leu Lys Gly Val Lys Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
15 20 25

ggc tta gtg aag cct gga ggg tcc ctg aaa ctc tcc tgt gca gcc tct 145  
Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
30 35 40

gga ttc gct ttc agt atc tat gac atg tct tgg gtt cgc cag act ccg 193  
Gly Phe Ala Phe Ser Ile Tyr Asp Met Ser Trp Val Arg Gln Thr Pro  
45 50 55 60

gag aag agg ctg gag tgg gtc gca tac att agt agt ggt ggt ggt acc 241  
Glu Lys Arg Leu Glu Trp Val Ala Tyr Ile Ser Ser Gly Gly Gly Thr  
65 70 75

acc tac tat cca gac act gtg aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac 289  
Thr Tyr Tyr Pro Asp Thr Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp  
80 85 90

aat gcc aag aac acc ctg tac ctg caa atg agc agt ctg aag tct gag 337  
Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu

1 1 / 3 7

95

100

105

gac aca gcc atg tat tac tgt gca aga cat agt ggc tac ggt agt agc 385

Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys Ala Arg His Ser Gly Tyr Gly Ser Ser

110

115

120

tac ggg gtt ttg ttt gct tac tgg ggc caa ggg act ctg gtc act gtc 433

Tyr Gly Val Leu Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

125

130

135

140

tct gca ggt gga ggc ggt agc gat atc cag atg acc cag act aca tcc 481

Ser Ala Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser

145

150

155

tcc ctg tct gcc tct ctg gga gac aga gtc acc att agt tgc agg gca 529

Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala

160

165

170

agt cag gac att agc aat tat tta aac tgg tat cag cag aaa cca gat 577

Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp

175

180

185

gga act gtt aaa ctc ctg atc tac tac aca tca ata tta cac tca gga 625

Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Leu His Ser Gly

190

195

200



1 2 / 3 7

gtc cca tca aag ttc agt ggc agt ggg tct gga aca gat tat tct ctc 673

Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu

205 210 215 220

acc att agc aac ctg gag caa gaa gat ttt gcc act tac ttt tgc caa 721

Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln

225 230 235

cag ggt aat acg ctt ccg tgg acg ttc ggt gga ggc acc aag ctg gaa 769

Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu

240 245 250

atc aaa gac tac aag gat gac gac gat aag tga taa gcggccgcaa t 816

Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

255 260

&lt;210&gt; 5

&lt;211&gt; 116

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized peptide sequence

1 3 / 3 7

&lt;400&gt; 5

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Ser Lys Pro Gly Ala

1

5

10

15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20

25

30

Trp Leu His Trp Ile Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Gly Tyr Ile Asn Pro Arg Asn Asp Tyr Thr Glu Tyr Asn Gln Asn Phe

50

55

60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65

70

75

80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Arg Asp Ile Thr Thr Phe Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu

100

105

110

Thr Val Ser Ser

115

$$14/37$$

<210> 6

&lt;211&gt; 348

<212> DNA

<213> Artificial

$\langle 220 \rangle$

<223> an artificially synthesized DNA sequence

**<220>**

&lt;221&gt; CDS

<222> (1).. (348)

〈223〉

<400> 6

cag gtc cag ctg cag gag tca ggg gct gaa ctg tca aaa cct ggg gcc 48

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Ser Lys Pro Gly Ala

1                      5                      10                      15

tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct ggc tac acc ttt act agc tac 96

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20                      25                      30

tgg ctg cac tgg ata aaa cag agg cct gga cag ggt ctg gaa tgg att 144

Trp Leu His Trp Ile Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35                      40                      45

1 5 / 3 7

gga tac att aat cct agg aat gat tat act gag tac aat cag aac ttc 192  
Gly Tyr Ile Asn Pro Arg Asn Asp Tyr Thr Glu Tyr Asn Gln Asn Phe  
50 55 60

aag gac aag gcc aca ttg act gca gac aaa tcc tcc agc aca gcc tac 240  
Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

atg caa ctg agc agc ctg aca tct gag gac tct gca gtc tat tac tgt 288  
Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

gca aga agg gat att act acg ttc tac tgg ggc caa ggc acc act ctc 336  
Ala Arg Arg Asp Ile Thr Thr Phe Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu  
100 105 110

aca gtc tcc tcg 348  
Thr Val Ser Ser  
115

<210> 7  
<211> 112  
<212> PRT  
<213> Artificial

1 6 / 3 7

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized peptide sequence

&lt;400&gt; 7

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Ala Gly  
1 5 10 15

Glu Asn Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser  
20 25 30

Ala Asn His Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val  
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr  
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Gln Val Glu Asp Leu Ala Ile Tyr Tyr Cys His Gln  
85 90 95

Tyr Leu Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110



$17/37$ 

<210> 8

&lt;211&gt; 336

<212> DNA

<213> Artificial

 $\langle 220 \rangle$ 

⟨223⟩ an artificially synthesized DNA sequence

**<220>**

<221> CDS

<222> (1).. (336)

〈223〉

<400> 8

gac att cag ctg acc cag tct cca tca tct ctg gct gtg tct gca gga 48

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Ala Gly

1                      5                      10                      15

gaa aac gtc act atg agc tgt aag tcc agt caa agt gtt tta tac agt 96

Glu Asn Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser

20                      25                      30

gca aat cac aag aac tac ttg gcc tgg tac cag cag aaa cca ggg cag 144

Ala Asn His Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35                      40                      45

18 / 37

tct cct aaa ctg ctg atc tac tgg gca tcc act agg gaa tct ggt gtc 192

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50

55

60

cct gat cgc ttc aca ggc agc gga tct ggg aca gat ttt act ctt acc 240

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65

70

75

80

atc agc aga gta caa gtt gaa gac ctg gca att tat tat tgt cac caa 288

Ile Ser Arg Val Gln Val Glu Asp Leu Ala Ile Tyr Tyr Cys His Gln

85

90

95

tac ctc tcc tcg tgg acg ttc ggt gga ggg acc aag ctg gag atc aaa 336

Tyr Leu Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100

105

110

<210> 9

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> an artificially synthesized peptide sequence

<400> 9

1 9 / 3 7

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ala Phe Ser Ile Tyr

20 25 30

Asp Met Ser Trp Val Arg Gln Thr Pro Glu Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Tyr Ile Ser Ser Gly Gly Gly Thr Thr Tyr Tyr Pro Asp Thr Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg His Ser Gly Tyr Gly Ser Ser Tyr Gly Val Leu Phe Ala Tyr

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala

115 120

20 / 37

&lt;211&gt; 369

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(369)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 10

gaa gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc tta gtg aag cct gga ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

tcc ctg aaa ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc gct ttc agt atc tat 96

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ala Phe Ser Ile Tyr

20 25 30

gac atg tct tgg gtt cgc cag act ccg gag aag agg ctg gag tgg gtc 144

Asp Met Ser Trp Val Arg Gln Thr Pro Glu Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

gca tac att agt agt ggt ggt ggt acc acc tac tat cca gac act gtg 192

2 1 / 3 7

Ala Tyr Ile Ser Ser Gly Gly Gly Thr Thr Tyr Tyr Pro Asp Thr Val

50

55

60

aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat gcc aag aac acc ctg tac 240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65

70

75

80

ctg caa atg agc agt ctg aag tct gag gac aca gcc atg tat tac tgt 288

Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85

90

95

gca aga cat agt ggc tac ggt agt agc tac ggg gtt ttg ttt gct tac 336

Ala Arg His Ser Gly Tyr Gly Ser Ser Tyr Gly Val Leu Phe Ala Tyr

100

105

110

tgg ggc caa ggg act ctg gtc act gtc tct gca 369

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala

115

120

&lt;210&gt; 11

&lt;211&gt; 107

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

22/37

&lt;223&gt; an artificially synthesized peptide sequence

&lt;400&gt; 11

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1

5

10

15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20

25

30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35

40

45

Tyr Tyr Thr Ser Ile Leu His Ser Gly Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly

50

55

60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln

65

70

75

80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85

90

95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100

105

&lt;210&gt; 12



$$23 / 37$$

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial

**<220>**

<223> an artificially synthesized DNA sequence

<220>

<221> CDS

$\langle 222 \rangle$  (1) .. (321)

<223>

<400> 12

gat atc cag atg acc cag act aca tcc tcc ctg tct gcc tct ctg gga 48

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1                      5                      10                      15

gac aga gtc acc att agt tgc agg gca agt cag gac att agc aat tat 96

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20                      25                      30

tta aac tgg tat cag cag aaa cca gat gga act gtt aaa ctc ctg atc 144

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35                      40                      45

tac tac aca tca ata tta cac tca gga gtc cca tca aag ttc agt ggc 192

2 4 / 3 7

Tyr Tyr Thr Ser Ile Leu His Ser Gly Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly

50

55

60

agt ggg tct gga aca gat tat tct ctc acc att agc aac ctg gag caa 240

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln

65

70

75

80

gaa gat ttt gcc act tac ttt tgc caa cag ggt aat acg ctt ccg tgg 288

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85

90

95

acg ttc ggt gga ggc acc aag ctg gaa atc aaa 321

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100

105

&lt;210&gt; 13

&lt;211&gt; 88

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 13

cctgaattcc accatggaaa ggcactggat ctttctcttc ctgttttcag taactgcagg 60

2 5 / 3 7

tgtccactcc caggtccagc tgcaggag

88

&lt;210&gt; 14

&lt;211&gt; 90

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 14

gatgtcctgc aaggcttctg gctacacctt tactagctac tggctgcact ggataaaaca 60

gaggcctgga cagggctctgg aatggattgg

90

&lt;210&gt; 15

&lt;211&gt; 87

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

26 / 37

&lt;400&gt; 15

cttcaaggac aaggccacat tgactgcaga caaatcctcc agcacagcct acatgcaact 60

gagcagcctg acatctgagg actctgc 87

&lt;210&gt; 16

&lt;211&gt; 88

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 16

ggcaccactc tcacagtctc ctcgggtgga ggcggtagcg acattcagct gaccagctct 60

ccatcatctc tggctgtgtc tgcaggag 88

&lt;210&gt; 17

&lt;211&gt; 91

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

27/37

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 17

cagtgc aaat cacaagaact acttggcctg gtaccagcag aaaccagggc agtctcctaa 60

actgctgate tactgggcat ccactaggga a 91

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 105

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 18

ggcagcggat ctgggacaga ttttactctt accatcagca gagtacaagt tgaagacctg 60

gcaatttatt attgtcacca atacctctcc tcgtggacgt tcggt 105

&lt;210&gt; 19

&lt;211&gt; 91

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

28 / 37

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 19

ggtgtagcca gaagccttgc aggacatctt cactgaggcc ccaggttttg acagttcagc 60

ccctgactcc tgcagctgga cctgggagtg g 91

&lt;210&gt; 20

&lt;211&gt; 96

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 20

tgcagtcaat gtggccttgt ccttgaagtt ctgattgtac tcagtataat cattcctagg 60

attaatgtat ccaatccatt ccagaccctg tccagg 96

&lt;210&gt; 21

&lt;211&gt; 105

29 / 37

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 21

acccgaggag actgtgagag tggcgccttg gccccagtag aacgtagtaa tatcccttct 60

tgcacagtaa tagactgcag agtcctcaga tgtcaggctg ctcag 105

&lt;210&gt; 22

&lt;211&gt; 102

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 22

ccaggccaag tagttcttgt gatttgcact gtataaaaca ctttgactgg acttacagct 60

catagtgcag ttttctcctg cagacacagc cagagatgat gg 102



3 0 / 3 7

&lt;210&gt; 23

&lt;211&gt; 84

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 23

aagagtaaaa tctgtcccag atccgctgcc tgtgaagcga tcagggacac cagattccct 60

agtggatgcc cagtagatca gcag 84

&lt;210&gt; 24

&lt;211&gt; 93

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 24

attgcggccg cttatcactt atcgctgtca tccttgtagt ctttgatctc cagcttggtc 60

cctccaccga acgtccacga ggagaggtat tgg 93

3 1 / 3 7

&lt;210&gt; 25

&lt;211&gt; 92

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 25

cctgaattcc accatgaact ttgggctcag attgattttc cttgtcctta ctttaaaagg 60

tgtgaagtgt gaagtcgagc tgggtggagtc tg 92

&lt;210&gt; 26

&lt;211&gt; 89

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 26

gtgcagcctc tggattcgct ttcagtatct atgacatgtc ttgggttcgc cagactccgg 60

3 2 / 3 7

agaagaggct ggagtgggtc gcatacatt

89

&lt;210&gt; 27

&lt;211&gt; 86

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 27

gggccgattc accatctcca gagacaatgc caagaacacc ctgtacctgc aaatgagcag 60

tctgaagtct gaggacacag ccatgt

86

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 98

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

3 3 / 3 7

&lt;400&gt; 28

cgggggttttg ttgcttact ggggccaagg gactctggtc actgtctctg caggtggagg 60

cggtagcgat atccagatga cccagactac atcctccc 98

&lt;210&gt; 29

&lt;211&gt; 114

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 29

ttgcagggca agtcaggaca ttagcaatta tttaaactgg tatcagcaga aaccagatgg 60

aactgttaaa ctccctgatct actacacatc aatattacac tcaggagtcc catc 114

&lt;210&gt; 30

&lt;211&gt; 87

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

3 4 / 3 7

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 30

ctctcaccat tagcaacctg gagcaagaag attttgccac ttacttttgc caacagggtg 60

atacgcttcc gtggacgttc ggtggag 87

&lt;210&gt; 31

&lt;211&gt; 91

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 31

ctgaaagcga atccagaggc tgcacaggag agtttcaggg accctccagg cttcactaag 60

cctccccag actccaccag ctgcacttca c 91

&lt;210&gt; 32

&lt;211&gt; 91

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

3 5 / 3 7

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 32

gtctctggag atggtgaatc ggcccttcac agtgtctgga tagtaggtgg taccaccacc 60

actactaatg tatgcgaccc actccagcct c 91

&lt;210&gt; 33

&lt;211&gt; 90

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 33

ggccccagta agcaaacaaa accccgtagc tactaccgta gccactatgt cttgcacagt 60

aatacatggc tgtgtcctca gacttcagac 90

&lt;210&gt; 34

&lt;211&gt; 90

3 6 / 3 7

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 34

taattgctaa tgcctgact tgcctgcaa ctaatggtga ctctgtctcc cagagaggca 60

gacagggagg atgtagtctg ggtcatctgg 90

&lt;210&gt; 35

&lt;211&gt; 93

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; an artificially synthesized DNA sequence

&lt;400&gt; 35

tcttgctcca ggttgctaat ggtgagagaa taatctgttc cagaccact gccactgaac 60

tttgatggga ctctgagtg taatattgat gtg 93



3 7 / 3 7

<210> 36

<211> 85

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> an artificially synthesized DNA sequence

<400> 36

attgcggccg cttatcactt atcgtcgtca tccttgtagt ctttgatttc cagcttggtg 60

cctccaccga acgtccacgg aagcg 85

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/004696

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl<sup>7</sup> C07K16/28, C12N15/62, A61K39/395, A61P1/04, 1/16, 3/10, 5/14,  
7/00, 7/04, 7/06, 11/06, 15/08, 17/00, 17/06, 21/04, 25/00,  
27/02, 29/00, 35/00, 35/02, 37/02, 43/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl<sup>7</sup> C07K16/28, C12N15/62, A61K39/395, A61P1/04, 1/16, 3/10, 5/14,  
7/00, 7/04, 7/06, 11/06, 15/08, 17/00, 17/06, 21/04, 25/00,  
27/02, 29/00, 35/00, 35/02, 37/02, 43/00

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

MEDLINE (STN), BIOSIS (STN), WPIDS (STN), JICST FILE (JOIS),  
SwissProt/PIR/GeneSeq, Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X Y	WO 01/97858 A2 (IDEC Pharmaceuticals Corp.), 27 December, 2001 (27.12.01), & JP 2004-512262 A & EP 1299128 A2 & US 2002/0039557 A1	1, 2, 4-13 3
X Y	WO 02/22212 A2 (IDEC Pharmaceuticals Corp.), 21 March, 2002 (21.03.02), & JP 2004-508420 A & EP 1328320 A2 & US 2002/0058029 A1	1, 2, 4-13 3
X Y	WO 01/74388 A1 (IDEC Pharmaceuticals Corp.), 11 October, 2001 (11.10.01), & JP 2004-500412 A & EP 1283722 A1 & US 2002/0012665 A1	1, 2, 4-13 3

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.☐ See patent family annex.

\* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance  
 "E" earlier application or patent but published on or after the international filing date  
 "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)  
 "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means  
 "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention  
 "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone  
 "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art  
 "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search  
06 July, 2004 (06.07.04)

Date of mailing of the international search report  
27 July, 2004 (27.07.04)

Name and mailing address of the ISA/  
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/004696

## C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X Y	WO 02/04021 A1 (IDEC Pharmaceuticals Corp.), 17 January, 2002 (17.01.02), & JP 2004-502742 A & EP 1305045 A1 & US 2002/0028178 A1	1,2,4-13 3
X Y	JP 2001-518930 A (Immunomedics, Inc.), 16 October, 2001 (16.10.01), & WO 98/42378 A1 & EP 969866 A1 & US 2002/0071807 A1	1,4,6-11 2,3,5,12,13
X Y	JP 2002-544173 A (Immunomedics, Inc.), 24 December, 2002 (24.12.02), & WO 00/67795 A1 & EP 1178826 A1	1,4,6-11 2,3,5,12,13
X Y	JP 10-505231 A (Immunomedics, Inc.), 26 May, 1998 (26.05.98), & WO 96/04925 A1 & EP 771208 A1 & US 5789554 A	1,4,6-11 2,3,5,12,13
Y	HOLLIGER P. et al., "Diabodies": small bivalent and bispecific antibody fragments., Proc.Natl. Acad.Sci.USA., 1993, No.90, Vol.14, p.6444-8	2,3,5,12,13
P,X	WO 03/33654 A2 (ROSSI Edmund), 24 April, 2003 (24.04.03), & US 2003/0148409 A1	1-13

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/004696

Box No. 1 Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item I.b of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, the international search was carried out on the basis of:

a. type of material

☒ a sequence listing

☐ table(s) related to the sequence listing

b. format of material

☐ in written format

☒ in computer readable form

c. time of filing/furnishing

☐ contained in the international application as filed

☒ filed together with the international application in computer readable form

☐ furnished subsequently to this Authority for the purposes of search

2. ☒ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.

3. Additional comments:

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/004696

**Box No. II** Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box No. III** Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

It is recognized that degraded antibodies recognizing CD22, i.e., the matter common to claims 1 to 13, have been publicly known (see, if needed, WO98/42378). Thus, the above common matter cannot be considered as a special technical feature. Such being the case, the inventions as set forth in claims 1 to 13 cannot be regarded as a group so linked as to form a single general inventive concept.

Thus, the inventions as set forth in claims 1 to 13 are classified into the following 4 groups of inventions: (1) a degraded antibody having the amino acid sequence represented by SEQ ID NO:1, (2) a degraded antibody having the amino acid sequence represented by SEQ ID NO:3, (continued to extra sheet)

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:  
The parts relating to SEQ ID NO:1 in claims 1 to 13

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/004696

Continuation of Box No.III of continuation of first sheet(2)

(3) a degraded antibody having CDR of SEQ ID NO:5 and the amino acid sequence represented by SEQ ID NO:7, and (4) a degraded antibody having CDR of SEQ ID NO:9 and the amino acid sequence represented by SEQ ID NO:11.

## A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl. <sup>7</sup> C07K16/28, C12N15/62, A61K39/395, A61P1/04, 1/16, 3/10, 5/14, 7/00, 7/04, 7/06, 11/06, 15/08, 17/00, 17/06, 21/04, 25/00, 27/02, 29/00, 35/00, 35/02, 37/02, 43/00

## B. 調査を行った分野

## 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl. <sup>7</sup> C07K16/28, C12N15/62, A61K39/395, A61P1/04, 1/16, 3/10, 5/14, 7/00, 7/04, 7/06, 11/06, 15/08, 17/00, 17/06, 21/04, 25/00, 27/02, 29/00, 35/00, 35/02, 37/02, 43/00

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

MEDLINE (STN) BIOSIS (STN) WPIDS (STN) JICSTファイル (JOIS)

SwissProt/PIR/GeneSeq Genbank/EMBL/DBJ/GeneSeq

## C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X Y	WO 01/97858 A2 (アイディック ファーマスーティカルズ コーポレーション) 2001. 12. 27 & JP 2004-512262 A & EP 1299128 A2 & US 2002/0039557 A1	1, 2, 4-13 3
X Y	WO 02/22212 A2 (アイディック ファーマスーティカルズ コーポレーション) 2002. 03. 21 & JP 2004-508420 A & EP 1328320 A2 & US 2002/0058029 A1	1, 2, 4-13 3
X Y	WO 01/74388 A1 (アイディック ファーマスーティカルズ コーポレーション) 2001. 10. 11 & JP 2004-500412 A & EP 1283722 A1 & US 2002/0012665 A1	1, 2, 4-13 3

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

## \* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&amp;」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

06. 07. 2004

国際調査報告の発送日

27. 7. 2004

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

田中 晴絵

4N

9739

電話番号 03-3581-1101 内線 3488



C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X Y	WO 02/04021 A1 (アイディック ファーマスーティカルス コーポレイション) 2002. 01. 17 & JP 2004-502742 A & EP 1305045 A1 & US 2002/0028178 A1	1, 2, 4-13 3
X Y	JP 2001-518930 A (イムノテイクス インコーポレイテッド) 2001. 10. 16 & WO 98/42378 A1 & EP 969866 A1 & US 2002/0071807 A1	1, 4, 6-11 2, 3, 5, 12, 13
X Y	JP 2002-544173 A (イムノテイクス インコーポレイテッド) 2002. 12. 24 & WO 00/67795 A1 & EP 1178826 A1	1, 4, 6-11 2, 3, 5, 12, 13
X Y	JP 10-505231 A (イムノテイクス インコーポレイテッド) 1998. 05. 26 & WO 96/04925 A1 & EP 771208 A1 & US 5789554 A	1, 4, 6-11 2, 3, 5, 12, 13
Y	HOLLIGER P. et al., "Diabodies": small bivalent and bispecific antibody fragments., Proc Natl Acad Sci U S A., 1993, No. 90, Vol. 14, p. 6444-8	2, 3, 5, 12, 13
P X	WO 03/33654 A2 (ROSSI Edmund) 2003. 04. 24 & US 2003/0148409 A1	1-13

## 第Ⅱ欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見（第1ページの2の続き）

法第8条第3項（PCT17条(2)(a)）の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 \_\_\_\_\_ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☐ 請求の範囲 \_\_\_\_\_ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 \_\_\_\_\_ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

## 第Ⅲ欄 発明の単一性が欠如しているときの意見（第1ページの3の続き）

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1-13に共通する事項である、CD22を認識する低分子化抗体は、公知であったと認められるため（要すれば、WO98/42378号等参照。）、上記共通する事項は特別な技術的特徴とは認められず、よって、請求の範囲1-13記載の発明が単一の一般的発明概念を形成するように関連しているとは認められない。

したがって、請求の範囲1-13に記載の発明は、（1）配列番号：1に記載のアミノ酸配列を有する低分子化抗体、（2）配列番号：3に記載のアミノ酸配列を有する低分子化抗体、（3）配列番号：5のCDRおよび配列番号：7のCDRのアミノ酸配列を有する低分子化抗体、及び、（4）配列番号：9のCDRおよび配列番号：11のCDRのアミノ酸配列を有する低分子化抗体、に関する、4の発明群に区分される。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。  
1-13の配列番号1に関する部分

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。

# *c-mpl* mutations are the cause of congenital amegakaryocytic thrombocytopenia

Matthias Ballmaier, Manuela Germeshausen, Harald Schulze, Klara Cherkaoui, Sabine Lang, Annika Gaudig, Stephanie Krukemeier, Martin Eilers, Gabriele Strauß, and Karl Welte

**Congenital amegakaryocytic thrombocytopenia (CAMT) is a rare disease presenting with isolated thrombocytopenia in infancy and developing into a pancytopenia in later childhood. Thrombopoietin (TPO) is the main regulator of thrombocytopoiesis and has also been demonstrated to be an important factor in early hematopoiesis. We analyzed 9 patients with CAMT for defects in TPO production and reactivity. We found high levels of TPO in the sera of all patients. However, platelets and hematopoietic progenitor**

**cells of patients with CAMT did not show any reactivity to TPO, as measured by testing TPO-synergism to adenosine diphosphate in platelet activation or by megakaryocyte colony assays. Flow cytometric analysis revealed absent surface expression of the TPO receptor c-Mpl in 3 of 3 patients. Sequence analysis of the *c-mpl* gene revealed point mutations in 8 of 8 patients: We found frameshift or nonsense mutations that are predicted to result in a complete loss of c-Mpl function in 5 patients. Heterozygous or homozy-**

**gous missense mutations predicted to lead to amino acid exchanges in the extracellular domain of the receptor were found in 3 other patients. The type of mutations correlated with the clinical course of the disease. We propose a defective c-Mpl expression due to *c-mpl* mutations as the cause for thrombocytopenia and progression into pancytopenia seen in patients with CAMT. (Blood. 2001;97:139-146)**

© 2001 by The American Society of Hematology

## Introduction

Congenital amegakaryocytic thrombocytopenia (CAMT) is a rare disease characterized by a severe hypomegakaryocytic thrombocytopenia during the first years of life that develops into a pancytopenia in later childhood, suggesting a general defect in hematopoiesis.<sup>1</sup> Bone marrow transplantation is the only curative therapy for CAMT so far.<sup>2</sup>

The pathophysiology of CAMT is not well understood. Experiments of Freedman and Estrov<sup>3</sup> demonstrated that the cause of CAMT seems to be an intrinsic stem cell defect rather than an abnormality of the bone marrow microenvironment or an inhibitory factor in the patients' plasma. Serum levels of thrombopoietin (TPO), the pivotal regulator of megakaryopoiesis but also an important factor for early multipotential hematopoietic progenitors, are highly elevated in patients affected from CAMT.<sup>4,5</sup>

Recently, Muraoka and coworkers<sup>6</sup> described a patient with CAMT who had a defective response to TPO in megakaryocyte colony formation, decreased numbers of erythroid and myeloid progenitors, and elevated TPO serum levels. Ihara and coworkers<sup>7</sup> detected 2 heterozygous point mutations in the *c-mpl* gene of this patient that were predicted to result in a complete absence of functional c-Mpl protein.

In this report we describe a defective TPO reactivity of hematopoietic progenitor cells and platelets from 9 patients with CAMT. A lack of c-Mpl expression on the platelet surface could be demonstrated in 3 patients. Molecular sequencing of the *c-mpl* gene of 8 patients with CAMT revealed point mutations in all patients: We found frameshift or nonsense mutations in 5 patients belonging

to a patient group with a very severe course of the disease, heterozygous or homozygous missense mutations were found in 3 other patients with a slower progression of the disease. We propose, that *c-mpl* mutations are the cause for the amegakaryocytic thrombocytopenia and the development of a pancytopenia in patients with CAMT. The type of mutations could be predictive for the course of the disease.

## Patients, materials, and methods

### Patients

Platelets and/or bone marrow mononuclear cells from 9 patients with CAMT were examined at different time points. All patients were found to be thrombocytopenic during the first year of life, had normal radii, and showed no or severely reduced numbers of megakaryocytes in bone marrow smears. Four of the patients are from Kurdish origin and have consanguineous parents. (Approval was obtained from the institutional review board for these studies. Informed consent was provided according to the Declaration of Helsinki.) Retrospective comparison of the clinical data from 18 patients with CAMT from different German clinics resulted in a division into 2 different groups of patients with a different time course of thrombocytopenia: About 60% of the patients presented with a more severe form of CAMT with an early development from isolated thrombocytopenia into pancytopenia (group I). A second group of patients demonstrated a transient increase of platelet counts during the first year of life and a later development of pancytopenia (group II). The patients' characteristics with the division into the 2 patient groups are described in Table 1.

From the Department of Pediatric Hematology and Oncology, Medizinische Hochschule Hannover, Germany.

Submitted June 16, 2000; accepted August 14, 2000.

Supported by grant We 942/5-2 from the Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG).

M.B. and M.G. contributed equally to this work.

**Reprints:** Matthias Ballmaier, Abt. Pädiatrische Hämatologie und Onkologie,

Medizinische Hochschule Hannover, D-30625 Hannover, Germany; e-mail: Ballmaier.Matthias@MH-Hannover.de.

The publication costs of this article were defrayed in part by page charge payment. Therefore, and solely to indicate this fact, this article is hereby marked "advertisement" in accordance with 18 U.S.C. section 1734.

© 2001 by The American Society of Hematology

Table 1. Patients' characteristics

Patient identification	Sex	Age (y)	BMT (age) (y)	Patient group*	Consanguineous parents	WBC (nL <sup>-1</sup> )	Hgb (g·dL <sup>-1</sup> )	Plt (nL <sup>-1</sup> )	Tests performed†
CAMT-1	F	0.3	0.6	I	+	7.8	5.6	20	7
CAMT-6	F	0.7	0.8	I	—	10.3	11.5	6	7
		0.8				8.6	6.6	PT‡	1, 4
CAMT-7 (died after BMT)	M		7.0	II	—				6
		1.4				6.8	11.1	26	7
		3.4				5.1	10.7	10	6
		4.2				4.8	11.9	5	1, 2, 3, 4
		5.6				3.9	11.0	5	3, 4
		6.5				3.6	9.0	1	6
CAMT-8	M	2.2	2.8	II	—	12.4	11.1	14	1, 3, 4
CAMT-9	F	2.3	4.2	I	+	12.4	11.1	7	7
		3.0				8.1	10.1	8	2, 4
CAMT-11	F	7.8	—	II	—	6.5	13.0	29	1, 4, 6
		9.3				4.6	12.6	25	7
CAMT-12	M	3.7	4.1	II	—	8.3	11.7	7	1, 2, 4, 5
CAMT-13	F	1.5	3.8	I	+	7.0	9.1	35	3, 4, 5
CAMT-17	F	0.8	1.9	I	+	8.6	9.8	13	7
		1.8				na	na	na	6
									1, 2

BMT = bone marrow transplantation; WBC = white blood cells; Plt = platelets.

\*See "Patient, materials, and methods."

†Tests performed: 1. Thrombopoietin (TPO) enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA); 2. TPO bioassay; 3. c-Mpl expression (flow cytometry); 4. TPO reactivity (flow cytometry); 5. tyrosine phosphorylation in platelets; 6. colony assay from bone marrow mononuclear cells (BM-MNCs); 7. sequencing of c-mpl gene.

‡Platelet transfusion.

na: data not available.

## Materials

Recombinant human (rh) TPO and the polyclonal rabbit antibody against human c-Mpl were kindly provided by Dr A. Shimosaka, Kirin Brewery (Tokyo, Japan). Amgen (Thousand Oaks, CA) provided rh granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF) and rh stem cell factor (SCF). The rh granulocyte-macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF) and rh interleukin-3 (IL-3) were gifts from Behringwerke (Marburg, Germany); rh erythropoietin (EPO) was obtained from Boehringer Mannheim (Mannheim, Germany). Adenosine diphosphate, bovine pancreatic insulin, transferrin, prostaglandin E1, acetylic salicylic acid, apyrase (type VII), and bovine serum albumin were purchased from Sigma (Deisenhofen, Germany). Monoclonal antibodies against CD62P (clone CLB-Thromb/6) and CD41 (clone P2) as well as the IgG<sub>1</sub> isotype control were purchased from Coulter-Immunotech (Hamburg, Germany). The recombinant, peroxidase-conjugated, antiphosphotyrosine antibody (RC20) was from Transduction Laboratories (Lexington, KY). The polyclonal antibody against Jak2 was from Santa Cruz Biotechnology (Santa Cruz, CA). Cell culture media and fetal calf serum were purchased from Life Technologies (Eggenstein, Germany). Collagen solution was obtained from StemCell Technologies (Vancouver, British Columbia) and methyl cellulose (Methocel A4C) from WAK-Chemie (Bad Homburg, Germany).

## Assays for colony-forming units

For detection of colony-forming unit (CFU)-GM and CFU/burst-forming unit, erythrocytes (BFU-E) we used a methyl-cellulose-based culture system. The 10<sup>5</sup> bone marrow mononuclear cells (BM-MNCs) were cultured in 1 mL of a semisolid medium containing 0.7% methyl cellulose, 30% fetal bovine serum, and 0.5 × 10<sup>-9</sup> M 2-mercaptoetha-

nol in Iscove's modified Dulbecco's medium (IMDM) with the hematopoietic growth factors rhG-CSF, rhGM-CSF, rhIL-3, rhSCF (all 10 ng/mL), and rhEPO (1 U/mL). The cultures were incubated at 37°C in an atmosphere of 5% CO<sub>2</sub> and 100% humidity for 14 days. After this time, colonies consisting of more than 50 cells were classified according to their morphology and counted.

For detection of CFU-megakaryocytes (CFU-Mks), we used a serum-free,<sup>8</sup> collagen-based culture system. The 10<sup>5</sup> BM-MNCs were cultured in a semisolid medium containing bovine serum albumin (10 mg/mL), bovine pancreatic insulin (10 µg/mL), human transferrin (iron-saturated, 200 µg/mL), 2-mercaptoethanol (0.5 × 10<sup>-9</sup> M), collagen (1.1 mg/mL) in IMDM. Two different growth factor combinations were used: (1) rhTPO alone (50 ng/mL) and (2) rhTPO (50 ng/mL), rhIL-3 (10 ng/mL), and rhIL-6 (10 ng/mL). After 10 to 12 days of culture (37°C, 5% CO<sub>2</sub>, 100% humidity), collagen gels were dehydrated on slides and immunocytochemically stained with a primary monoclonal antibody against CD41 (clone P2) and an APAAP (alkaline phosphatase monoclonal antialkaline phosphatase) detection system. Colonies consisting of 5 or more CD41 positive cells were counted as CFU-Mk.

## Thrombopoietin serum levels

Patients' sera were collected and stored at -80°C until analysis. The measurement of TPO was performed with either a commercially available capture enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) system (R&D systems, Abingdon, UK) or an ELISA system recently developed by Folman et al.<sup>9</sup> Some of the samples were additionally tested in a TPO bioassay using the human c-mpl-transfected cell line 32D clone23<sup>10</sup> as recently described.<sup>11</sup>



### Flow cytometric analysis of in vitro platelet activation

TPO reactivity of platelets was tested as already described.<sup>11</sup> In brief, platelet-rich plasma (PRP) was preincubated for 1 minute with or without rhTPO (50 ng/mL) before the platelet activator ADP (5  $\mu$ M) was added. The stimulation was stopped by adding 1 mL of a formaldehyde solution (1% in phosphate-buffered saline [PBS]). Unstimulated platelets serving as a negative control were fixed immediately after preparation of PRP. After fixation for 30 minutes on ice, the samples were washed and stained for flow cytometric analysis. FITC-conjugated mAb anti-P-selectin (CD62P) as an activation-dependent marker and phycoerythrin (PE)-conjugated anti-gpIIb/IIIa (CD41) as a pan-platelet marker were used for measuring platelet activation. FITC- and PE-labeled isotype control antibodies were used as controls. After staining, the platelets were analyzed in a FACScan flow cytometer (Becton Dickinson, Heidelberg, Germany).

### Flow cytometric analysis of c-Mpl expression on platelets

We used a polyclonal rabbit antiserum against human c-Mpl for flow cytometric detection of c-Mpl on the platelet surface. Incubation of unfixed platelets with the primary antibodies was followed by the staining with the FITC-conjugated goat-antirabbit Ig (Dako, Glostrup, Denmark) and analysis on a FACScan flow cytometer.

### Western blot detection of tyrosine phosphorylation in platelets

PRP was preincubated with acetyl salicylic acid (2 mM) for 30 minutes at room temperature. Prostaglandin E1 (1  $\mu$ M) was added immediately before centrifugation of the platelets. The pellet was washed in a modified HEPES-Tyrod's buffer<sup>12</sup> containing apyrase (2 U/mL). For stimulation with rhTPO (2.7  $\mu$ g/mL), platelets were resuspended in a concentration of 4 to 5  $\times 10^8/\mu$ L in the same buffer supplemented with 1 mM CaCl<sub>2</sub>. The stimulation of platelets was terminated by adding one volume of 2  $\times$  concentrated sample buffer (10% glycerol, 1% SDS, 5% 2-mercaptoethanol, 50 mM Tris, pH 6.8, 10 mM EGTA, and 1 mM Na<sub>2</sub>VO<sub>4</sub> and 0.002% bromophenol blue). After SDS-gel electrophoresis proteins were transferred to a nitrocellulose membrane (0.45  $\mu$ m). Tyrosine phosphorylated proteins were detected with the horseradish peroxidase (HRP)-conjugated recombinant antibody RC20 using the enhanced chemiluminescence (ECL) system (Amersham Pharmacia Biotech, Freiburg, Germany) according to the manufacturer's instructions. For immunoprecipitation, platelet stimulation was terminated by adding an equal amount of lysis buffer (15 mM HEPES, 150 mM NaCl, 10 mM EGTA, 1 mM Na<sub>2</sub>VO<sub>4</sub>, 2% Triton X-100, 1  $\mu$ g/mL of each leupeptin, pepstatin A, and aprotinin, and 1 mM PMSF). The samples were incubated on ice for 30 minutes, and afterward, the debris was pelleted at 13 000g for 10 minutes at 4°C. The supernatant was precleared with protein A-agarose beads before adding the polyclonal antibody against Jak2. The antigen-antibody complex was captured by addition of protein A-agarose beads and analyzed with SDS-gel electrophoresis and Western blotting. After detection of tyrosine phosphorylation the membrane was stripped and incubated with an anti-Jak2 antibody. The following detection used a HRP-conjugated secondary antibody (swine antirabbit) and the ECL system.

### DNA sequencing and mutation analysis

Genomic DNA was extracted from peripheral blood using standard procedures. Exons 1 to 4 of c-mpl gene were amplified by polymerase chain reaction (PCR) using 100 ng of template DNA, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 100  $\mu$ M dNTP, and 10 pmol of each primer (exons 1-2: 5'-CTGAAGGGAGGATGGGC, 5'-AGGGACAGATACATGGG, exon 3: 5'-GCATGGTGGCTGTG-TAGG, 5'-GTCTGATTCCGGGAGCTGG, exon 4: 5'-GACTGTGGTACT-CAGAG, 5'-GGCAAGATTGAAGGTAGG) in PCR buffer (100 mM Tris-HCl, 500 mM KCl, pH 8.3). Exons 5 to 8, 11, and 12 were amplified in 1  $\times$  PCR buffer using 100 ng template DNA, 2 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.1% Triton, 100  $\mu$ M dNTP, and 10 pmol of each primer (exons 5-6: 5'-TAGATTGT-GAAGCTGGG, 5'-CTCCCATGACACAAACC, exons 7-8: 5'-GGGATT-AGTCTCTGAGG, 5'-CCCTGCGTAGTGAGGTC, exons 11-12: 5'-CCTC-CCTGCCAATCCAC, 5'-GGTAGGGTAGGGAAGTT) in PCR buffer. Exons 9 and 10 were amplified by PCR using 100 ng template DNA, 3 mM MgCl<sub>2</sub>,

0.1% Triton-X 100, 20  $\mu$ M dNTP, and 25 pmol of each primer (exon 9: 5'-TCTTTGTGGGAATCTCCGAC, 5'-AGGCGCTGTGCGGCTTTGGT, exon 10: 5'-AGTAGGGGCTGGCTGGATGA, 5'-GAGATCTGGGGTCA-CAGA) in PCR buffer. All PCRs included 1 unit *Taq* DNA polymerase (Roche, Mannheim, Germany) and *Pfu* DNA polymerase (Stratagene, La Jolla, CA) in a total reaction volume of 25  $\mu$ L. The PCRs were performed at 95°C for 5 minutes, followed by 35 cycles at 95°C for 1 minute, 58°C (exons 1-8, 11, 12) or 60°C (exons 9 and 10) for 1 minute, and 72°C for 1 minute, with a final extension at 72°C for 10 minutes. Direct sequencing of the purified PCR fragments was performed on a semiautomatic sequencer (LI-COR, MWG-Biotech, Ebersberg, Germany) using the Thermo Sequenase cycle sequencing kit with 7-deaza-dGTP (Amersham Pharmacia Biotech, Freiburg, Germany) and fluorescent c-mpl primers.

## Results

### Thrombopoietin serum levels

TPO serum levels were highly elevated in all patients (Table 2). No correlation between serum levels and platelet counts in the patients could be observed. Sera of 7 patients were tested for TPO bioactivity, all of them supported the growth of the factor-dependent, c-mpl-transfected cell line 32D clonel 23<sup>10</sup> (Table 2), excluding a not biologically active TPO as the cause for the thrombocytopenia.

### Thrombopoietin reactivity of platelets

TPO synergizes with ADP in platelet activation. Preincubation with TPO enhanced the activating effect of ADP in platelets from healthy donors (Figure 1B) or from patients affected from immunologic thrombocytopenias (data not shown). In contrast, we were not able to detect any synergism between TPO and ADP (Figure 1A) in platelets from all patients with CAMT tested (10 samples from 7 patients, described in Table 1). The activation obtained with ADP alone in platelets from patients with CAMT was similar to that in healthy donors.

### c-Mpl signaling in platelets of a patient with CAMT

c-Mpl is a member of the cytokine receptor superfamily and leads to tyrosine phosphorylation of cellular proteins after stimulation. We could demonstrate that stimulation of platelets from healthy

**Table 2. Thrombopoietin serum levels in patients with congenital amegakaryocytic thrombocytopenia**

Patient identification	Age (y)	TPO serum level (pg/mL)	TPO bioactivity
CAMT-1	0.3	nt	+
CAMT-6	0.7	1606*	nt
CAMT-7	3.4	2653†	+
	6.5	3290*	nt
CAMT-8	2.2	2436*	+
CAMT-9	2.3	nt	+
	3.0	2083*	nt
CAMT-11	7.8	3226*	+
CAMT-12	3.7	1022*	nt
CAMT-13	1.5	2674†	+
CAMT-17	1.8	1092†	+
Healthy donors (mean $\pm$ SD, n = 40)		120 $\pm$ 76	-

nt = not tested.

\*Measured with R&D systems enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA).

†Measured with an ELISA system developed by Folman et al.<sup>9</sup>

Table 1. Patients' characteristics

Patient identification	Sex	Age (y)	BMT (age) (y)	Patient group*	Consanguineous parents	WBC (nL <sup>-1</sup> )	Hgb (g·dL <sup>-1</sup> )	Plt (nL <sup>-1</sup> )	Tests performed†
CAMT-1	F		0.6	I	+				7
		0.3				7.8	5.6	20	2, 6
CAMT-6	F		0.8	I	—				7
		0.7				10.3	11.5	6	1, 4
		0.8				8.6	6.6	PT‡	6
CAMT-7 (died after BMT)	M		7.0	II	—				7
		1.4				6.8	11.1	26	6
		3.4				5.1	10.7	10	1, 2, 3, 4
		4.2				4.8	11.9	5	3, 4
		5.6				3.9	11.0	5	6
		6.5				3.6	9.0	1	1, 3, 4
CAMT-8	M		2.8	II	—				
		2.2				12.4	11.1	14	1, 2, 4
CAMT-9	F		4.2	I	+				7
		2.3				12.4	11.1	7	2, 4
		3.0				8.1	10.1	8	1, 4, 6
CAMT-11	F		—	II	—				7
		7.8				6.5	13.0	29	1, 2, 4, 5
		9.3				4.6	12.6	25	3, 4, 5
CAMT-12	M		4.1	II	—				7
		3.7				8.3	11.7	7	1, 3, 4
CAMT-13	F		3.8	I	+				7
		1.5				7.0	9.1	35	1, 2, 4
CAMT-17	F		1.9	I	+				7
		0.8				8.6	9.8	13	6
		1.8				na	na	na	1, 2

BMT = bone marrow transplantation; WBC = white blood cells; Plt = platelets.

\*See "Patient, materials, and methods."

†Tests performed: 1. Thrombopoietin (TPO) enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA); 2. TPO bioassay; 3. c-Mpl expression (flow cytometry); 4. TPO reactivity (flow cytometry); 5. tyrosine phosphorylation in platelets; 6. colony assay from bone marrow mononuclear cells (BM-MNCs); 7. sequencing of c-mpl gene.

‡Platelet transfusion.

na: data not available.

## Materials

Recombinant human (rh) TPO and the polyclonal rabbit antibody against human c-Mpl were kindly provided by Dr A. Shimosaka, Kirin Brewery (Tokyo, Japan). Amgen (Thousand Oaks, CA) provided rh granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF) and rh stem cell factor (SCF). The rh granulocyte-macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF) and rh interleukin-3 (IL-3) were gifts from Behringwerke (Marburg, Germany); rh erythropoietin (EPO) was obtained from Boehringer Mannheim (Mannheim, Germany). Adenosine diphosphate, bovine pancreatic insulin, transferrin, prostaglandin E1, acetylic salicylic acid, apyrase (type VII), and bovine serum albumin were purchased from Sigma (Deisenhofen, Germany). Monoclonal antibodies against CD62P (clone CLB-Thromb/6) and CD41 (clone P2) as well as the IgG<sub>1</sub> isotype control were purchased from Coulter-Immunotech (Hamburg, Germany), the recombinant, peroxidase-conjugated, antiphosphotyrosine antibody (RC20) was from Transduction Laboratories (Lexington, KY), the polyclonal antibody against Jak2 was from Santa Cruz Biotechnology (Santa Cruz, CA). Cell culture media and fetal calf serum were purchased from Life Technologies (Eggenstein, Germany). Collagen solution was obtained from StemCell Technologies (Vancouver, British Columbia) and methyl cellulose (Methocel A4C) from WAK-Chemie (Bad Homburg, Germany).

## Assays for colony-forming units

For detection of colony-forming unit (CFU)-GM and CFU/burst-forming unit, erythrocytes (BFU-E) we used a methyl-cellulose-based culture system. The 10<sup>5</sup> bone marrow mononuclear cells (BM-MNCs) were cultured in 1 mL of a semisolid medium containing 0.7% methyl cellulose, 30% fetal bovine serum, and 0.5 × 10<sup>-9</sup> M 2-mercaptoetha-

nol in Iscove's modified Dulbecco's medium (IMDM) with the hematopoietic growth factors rhG-CSF, rhGM-CSF, rhIL-3, rhSCF (all 10 ng/mL), and rhEPO (1 U/mL). The cultures were incubated at 37°C in an atmosphere of 5% CO<sub>2</sub> and 100% humidity for 14 days. After this time, colonies consisting of more than 50 cells were classified according to their morphology and counted.

For detection of CFU-megakaryocytes (CFU-Mks), we used a serum-free,<sup>8</sup> collagen-based culture system. The 10<sup>5</sup> BM-MNCs were cultured in a semisolid medium containing bovine serum albumin (10 mg/mL), bovine pancreatic insulin (10 µg/mL), human transferrin (iron-saturated, 200 µg/mL), 2-mercaptoethanol (0.5 × 10<sup>-9</sup> M), collagen (1.1 mg/mL) in IMDM. Two different growth factor combinations were used: (1) rhTPO alone (50 ng/mL) and (2) rhTPO (50 ng/mL), rhIL-3 (10 ng/mL), and rhIL-6 (10 ng/mL). After 10 to 12 days of culture (37°C, 5% CO<sub>2</sub>, 100% humidity), collagen gels were dehydrated on slides and immunocytochemically stained with a primary monoclonal antibody against CD41 (clone P2) and an APAAP (alkaline phosphatase monoclonal antialkaline phosphatase) detection system. Colonies consisting of 5 or more CD41 positive cells were counted as CFU-Mk.

## Thrombopoietin serum levels

Patients' sera were collected and stored at -80°C until analysis. The measurement of TPO was performed with either a commercially available capture enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) system (R&D systems, Abingdon, UK) or an ELISA system recently developed by Folman et al.<sup>9</sup> Some of the samples were additionally tested in a TPO bioassay using the human c-mpl-transfected cell line 32D clone23<sup>10</sup> as recently described.<sup>11</sup>

# *c-mpl* mutations are the cause of congenital amegakaryocytic thrombocytopenia

Matthias Ballmaier, Manuela Germeshausen, Harald Schulze, Klara Cherkaoui, Sabine Lang, Annika Gaudig, Stephanie Krukemeier, Martin Eilers, Gabriele Strauß, and Karl Welte

Congenital amegakaryocytic thrombocytopenia (CAMT) is a rare disease presenting with isolated thrombocytopenia in infancy and developing into a pancytopenia in later childhood. Thrombopoietin (TPO) is the main regulator of thrombopoiesis and has also been demonstrated to be an important factor in early hematopoiesis. We analyzed 9 patients with CAMT for defects in TPO production and reactivity. We found high levels of TPO in the sera of all patients. However, platelets and hematopoietic progenitor

cells of patients with CAMT did not show any reactivity to TPO, as measured by testing TPO-synergism to adenosine diphosphate in platelet activation or by megakaryocyte colony assays. Flow cytometric analysis revealed absent surface expression of the TPO receptor c-Mpl in 3 of 3 patients. Sequence analysis of the *c-mpl* gene revealed point mutations in 8 of 8 patients: We found frameshift or nonsense mutations that are predicted to result in a complete loss of c-Mpl function in 5 patients. Heterozygous or homozy-

gous missense mutations predicted to lead to amino acid exchanges in the extracellular domain of the receptor were found in 3 other patients. The type of mutations correlated with the clinical course of the disease. We propose a defective c-Mpl expression due to *c-mpl* mutations as the cause for thrombocytopenia and progression into pancytopenia seen in patients with CAMT. (Blood. 2001;97:139-146)

© 2001 by The American Society of Hematology

## Introduction

Congenital amegakaryocytic thrombocytopenia (CAMT) is a rare disease characterized by a severe hypomegakaryocytic thrombocytopenia during the first years of life that develops into a pancytopenia in later childhood, suggesting a general defect in hematopoiesis.<sup>1</sup> Bone marrow transplantation is the only curative therapy for CAMT so far.<sup>2</sup>

The pathophysiology of CAMT is not well understood. Experiments of Freedman and Estrov<sup>3</sup> demonstrated that the cause of CAMT seems to be an intrinsic stem cell defect rather than an abnormality of the bone marrow microenvironment or an inhibitory factor in the patients' plasma. Serum levels of thrombopoietin (TPO), the pivotal regulator of megakaryopoiesis but also an important factor for early multipotential hematopoietic progenitors, are highly elevated in patients affected from CAMT.<sup>4,5</sup>

Recently, Muraoka and coworkers<sup>6</sup> described a patient with CAMT who had a defective response to TPO in megakaryocyte colony formation, decreased numbers of erythroid and myeloid progenitors, and elevated TPO serum levels. Ihara and coworkers<sup>7</sup> detected 2 heterozygous point mutations in the *c-mpl* gene of this patient that were predicted to result in a complete absence of functional c-Mpl protein.

In this report we describe a defective TPO reactivity of hematopoietic progenitor cells and platelets from 9 patients with CAMT. A lack of c-Mpl expression on the platelet surface could be demonstrated in 3 patients. Molecular sequencing of the *c-mpl* gene of 8 patients with CAMT revealed point mutations in all patients: We found frameshift or nonsense mutations in 5 patients belonging

to a patient group with a very severe course of the disease, heterozygous or homozygous missense mutations were found in 3 other patients with a slower progression of the disease. We propose, that *c-mpl* mutations are the cause for the amegakaryocytic thrombocytopenia and the development of a pancytopenia in patients with CAMT. The type of mutations could be predictive for the course of the disease.

## Patients, materials, and methods

### Patients

Platelets and/or bone marrow mononuclear cells from 9 patients with CAMT were examined at different time points. All patients were found to be thrombocytopenic during the first year of life, had normal radii, and showed no or severely reduced numbers of megakaryocytes in bone marrow smears. Four of the patients are from Kurdish origin and have consanguineous parents. (Approval was obtained from the institutional review board for these studies. Informed consent was provided according to the Declaration of Helsinki.) Retrospective comparison of the clinical data from 18 patients with CAMT from different German clinics resulted in a division into 2 different groups of patients with a different time course of thrombocytopenia: About 60% of the patients presented with a more severe form of CAMT with an early development from isolated thrombocytopenia into pancytopenia (group I). A second group of patients demonstrated a transient increase of platelet counts during the first year of life and a later development of pancytopenia (group II). The patients' characteristics with the division into the 2 patient groups are described in Table 1.

From the Department of Pediatric Hematology and Oncology, Medizinische Hochschule Hannover, Germany.

Submitted June 16, 2000; accepted August 14, 2000.

Supported by grant We 942/5-2 from the Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG).

M.B. and M.G. contributed equally to this work.

Reprints: Matthias Ballmaier, Abt. Pädiatrische Hämatologie und Onkologie,

Medizinische Hochschule Hannover, D-30625 Hannover, Germany; e-mail: Ballmaier.Matthias@MH-Hannover.de.

The publication costs of this article were defrayed in part by page charge payment. Therefore, and solely to indicate this fact, this article is hereby marked "advertisement" in accordance with 18 U.S.C. section 1734.

© 2001 by The American Society of Hematology



### Flow cytometric analysis of in vitro platelet activation

TPO reactivity of platelets was tested as already described.<sup>11</sup> In brief, platelet-rich plasma (PRP) was preincubated for 1 minute with or without rhTPO (50 ng/mL) before the platelet activator ADP (5  $\mu$ M) was added. The stimulation was stopped by adding 1 mL of a formaldehyde solution (1% in phosphate-buffered saline [PBS]). Unstimulated platelets serving as a negative control were fixed immediately after preparation of PRP. After fixation for 30 minutes on ice, the samples were washed and stained for flow cytometric analysis. FITC-conjugated mAb anti-P-selectin (CD62P) as an activation-dependent marker and phycoerythrin (PE)-conjugated anti-gpIIb/IIIa (CD41) as a pan-platelet marker were used for measuring platelet activation. FITC- and PE-labeled isotype control antibodies were used as controls. After staining, the platelets were analyzed in a FACScan flow cytometer (Becton Dickinson, Heidelberg, Germany).

### Flow cytometric analysis of c-Mpl expression on platelets

We used a polyclonal rabbit antiserum against human c-Mpl for flow cytometric detection of c-Mpl on the platelet surface. Incubation of unfixed platelets with the primary antibodies was followed by the staining with the FITC-conjugated goat-antirabbit Ig (Dako, Glostrup, Denmark) and analysis on a FACScan flow cytometer.

### Western blot detection of tyrosine phosphorylation in platelets

PRP was preincubated with acetyl salicylic acid (2 mM) for 30 minutes at room temperature. Prostaglandin E<sub>1</sub> (1  $\mu$ M) was added immediately before centrifugation of the platelets. The pellet was washed in a modified HEPES-Tyrode's buffer<sup>12</sup> containing apyrase (2 U/mL). For stimulation with rhTPO (2.7  $\mu$ g/mL), platelets were resuspended in a concentration of 4 to 5  $\times 10^6$ /mL in the same buffer supplemented with 1 mM CaCl<sub>2</sub>. The stimulation of platelets was terminated by adding one volume of 2  $\times$  concentrated sample buffer (10% glycerol, 1% SDS, 5% 2-mercaptoethanol, 50 mM Tris, pH 6.8, 10 mM EGTA, and 1 mM Na<sub>2</sub>VO<sub>4</sub> and 0.002% bromophenol blue). After SDS-gel electrophoresis proteins were transferred to a nitrocellulose membrane (0.45  $\mu$ m). Tyrosine phosphorylated proteins were detected with the horseradish peroxidase (HRP)-conjugated recombinant antibody RC20 using the enhanced chemiluminescence (ECL) system (Amersham Pharmacia Biotech, Freiburg, Germany) according to the manufacturer's instructions. For immunoprecipitation, platelet stimulation was terminated by adding an equal amount of lysis buffer (15 mM HEPES, 150 mM NaCl, 10 mM EGTA, 1 mM Na<sub>2</sub>VO<sub>4</sub>, 2% Triton X-100, 1  $\mu$ g/mL of each leupeptin, pepstatin A, and aprotinin, and 1 mM PMSF). The samples were incubated on ice for 30 minutes, and afterward, the debris was pelleted at 13 000g for 10 minutes at 4°C. The supernatant was precleared with protein A-agarose beads before adding the polyclonal antibody against Jak2. The antigen-antibody complex was captured by addition of protein A-agarose beads and analyzed with SDS-gel electrophoresis and Western blotting. After detection of tyrosine phosphorylation the membrane was stripped and incubated with an anti-Jak2 antibody. The following detection used a HRP-conjugated secondary antibody (swine antirabbit) and the ECL system.

### DNA sequencing and mutation analysis

Genomic DNA was extracted from peripheral blood using standard procedures. Exons 1 to 4 of c-mpl gene were amplified by polymerase chain reaction (PCR) using 100 ng of template DNA, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 100  $\mu$ M dNTP, and 10 pmol of each primer (exons 1-2: 5'-CTGAAGGAGGAGAT-GGC, 5'-AGGACAGATACATGG, exon 3: 5'-GCATGGTGGCTGTG-TAGC, 5'-GTCTGATCCGGAGCTCG, exon 4: 5'-GACTGTGGTACT-GAAGCTGGG, 5'-CTCCATGACACAAACC, exons 7-8: 5'-GGGATT-AGTCTCTGAGG, 5'-CCCTGGCTAGTGAGGTC, exons 11-12: 5'-CCTC-CCTGCCAATCCAC, 5'-GGTAGGGTAGGGAAGTT) in PCR buffer. Exons 9 and 10 were amplified by PCR using 100 ng template DNA, 3 mM MgCl<sub>2</sub>.

## Results

### Thrombopoietin serum levels

TPO serum levels were highly elevated in all patients (Table 2). No correlation between serum levels and platelet counts in the patients could be observed. Sera of 7 patients were tested for TPO bioactivity, all of them supported the growth of the factor-dependent, c-mpl-transfected cell line 32D clone1 23<sup>10</sup> (Table 2), excluding a not biologically active TPO as the cause for the thrombocytopenia.

### Thrombopoietin reactivity of platelets

TPO synergizes with ADP in platelet activation. Preincubation with TPO enhanced the activating effect of ADP in platelets from healthy donors (Figure 1B) or from patients affected from immunologic thrombocytopenias (data not shown). In contrast, we were not able to detect any synergism between TPO and ADP (Figure 1A) in platelets from all patients with CAMT tested (10 samples from 7 patients, described in Table 1). The activation obtained with ADP alone in platelets from patients with CAMT was similar to that in healthy donors.

### c-Mpl signaling in platelets of a patient with CAMT

c-Mpl is a member of the cytokine receptor superfamily and leads to tyrosine phosphorylation of cellular proteins after stimulation. We could demonstrate that stimulation of platelets from healthy

Table 2. Thrombopoietin serum levels in patients with congenital amegakaryocytic thrombocytopenia

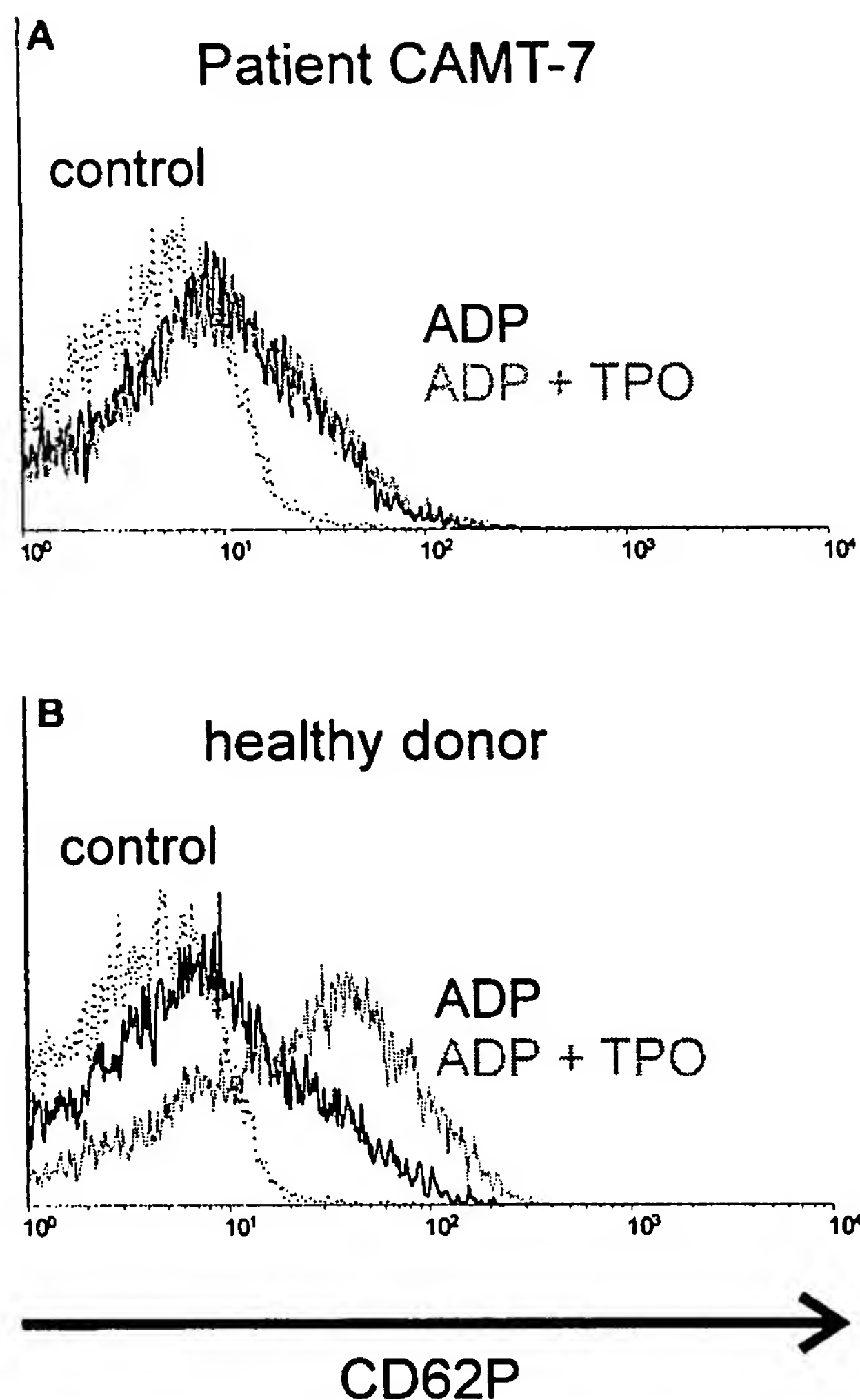
Patient identification	Age (y)	TPO serum level (pg/mL)	TPO bioactivity
CAMT-1	0.3	1606	+
CAMT-6	0.7	2653†	+
CAMT-7	3.4	3290	+
CAMT-8	2.2	2436	+
CAMT-9	2.3	2083	+
CAMT-11	7.8	3226	+
CAMT-12	3.7	1022	+
CAMT-13	1.5	2674†	+
CAMT-17	1.8	1092†	+
Healthy donors (mean $\pm$ SD, n = 40)		120 $\pm$ 76	-

†Not tested.

†Measured with R&D systems enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA).  
†Measured with an ELISA system developed by Folman et al.<sup>9</sup>

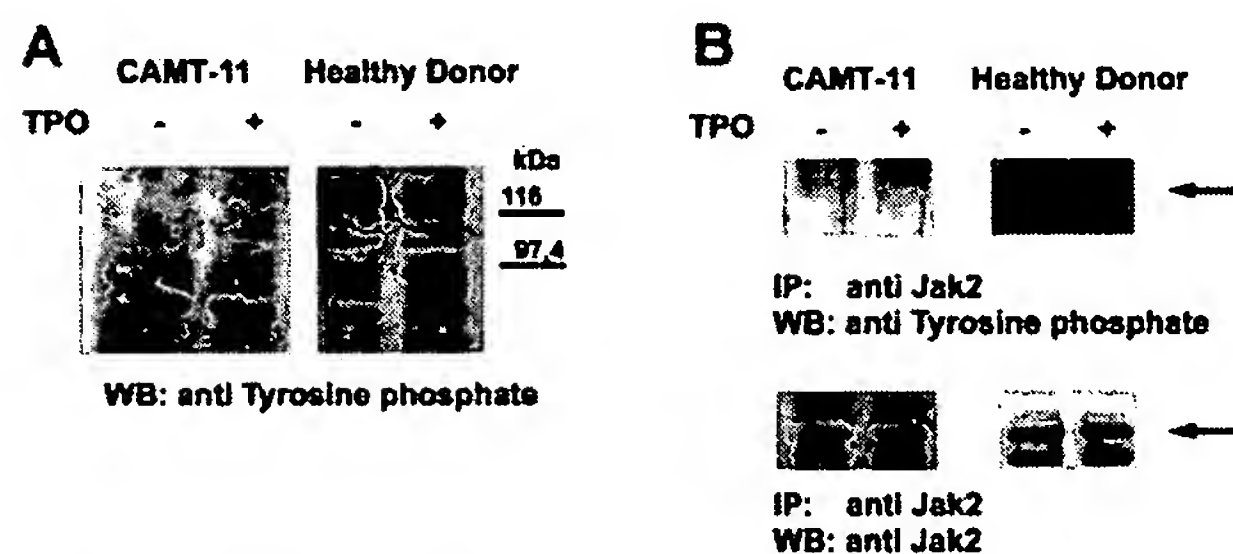
0.1% Triton-X 100, 20  $\mu$ M dNTP, and 25 pmol of each primer (exon 9: 5'-TCTTTGTGGGATCTCCGAC, 5'-AGGCGCTGTGGCGCTTGGT, exon 10: 5'-AGTAGGGGCTGGCTGATGA, 5'-GAGATCTGGGGTCA-CAGA) in PCR buffer. All PCRs included 1 unit *Taq* DNA polymerase (Roche, Mannheim, Germany) and *Pfu* DNA polymerase (Stratagene, La Jolla, CA) in a total reaction volume of 25  $\mu$ L. The PCRs were performed at 95°C for 5 minutes, followed by 35 cycles at 95°C for 1 minute, 58°C (exons 1-8, 11, 12) or 60°C (exons 9 and 10) for 1 minute, and 72°C for 1 minute, with a final extension at 72°C for 10 minutes. Direct sequencing of the purified PCR fragments was performed on a semi-automatic sequencer (LI-COR, MWG-Biotech, Ebersberg, Germany) using the Thermo Sequenase cycle sequencing kit with 7-deaza-dGTP (Amersham Pharmacia Biotech, Freiburg, Germany) and fluorescent c-mpl primers.





**Figure 1. Costimulation of platelets with rhTPO, CAMT versus healthy control.** Platelets of patient CAMT-7 (A) and of a healthy control donor (B) were stimulated with ADP (5  $\mu$ M) after preincubation with or without rhTPO (50 ng/mL). Flow cytometric analysis of platelet activation was performed using a monoclonal antibody against CD62P. CD62P expression of unstimulated platelets is shown in each histogram.

donors with TPO led to phosphorylation of several proteins, the most prominent band appearing at about 95 kD (Figure 2A). We were able to investigate c-Mpl signaling in platelets from patient CAMT-11, which did not show any difference in the tyrosine phosphorylation pattern before and after stimulation with TPO (Figure 2A). The protein pattern of constitutively tyrosine-phosphorylated proteins between the healthy donor and the patient



**Figure 2. Tyrosine phosphorylation in platelets after TPO stimulation.** Platelets of patient CAMT-11 and of a healthy donor were preincubated with 2.7  $\mu$ g/mL rhTPO before lysis and Western blot analysis of tyrosine-phosphorylated proteins (A). Phosphorylation of Jak2 was proved after immunoprecipitation with anti-Jak2 and Western blot detection of tyrosine-phosphorylated proteins and Jak2 (B).

was similar, with the exception of a 60 kD protein band only detectable in the patient's platelets, independent of the state of stimulation. This is most likely a consequence of a higher amount of contaminating plasma proteins in platelet preparations from thrombocytopenic patients. Subsequent analysis of TPO-dependent phosphorylation of Jak2 in platelets of patient CAMT-11 did not reveal any activation of this molecule in contrast to platelets of healthy donors, although Jak2 expression could be detected in this patient (Figure 2B).

#### Expression of c-Mpl in platelets

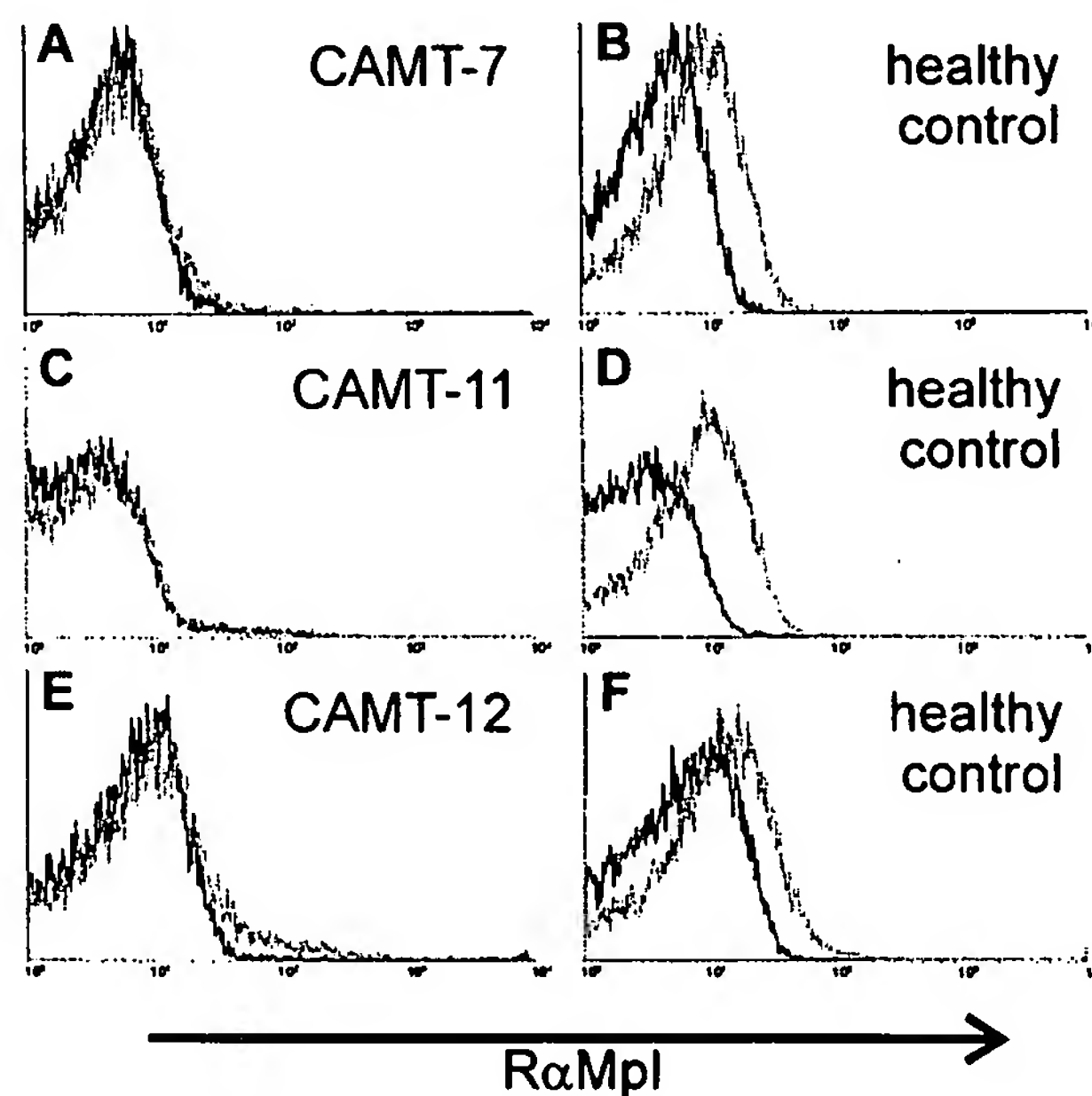
c-Mpl expression on the surface of platelets was analyzed in 3 patients. We used a polyclonal rabbit antiserum against c-Mpl. Specificity of the serum was tested with the *c-mpl*-transfected cell line 32D clone 23 (data not shown). The antibodies demonstrated a weak, but distinct reactivity with platelets from healthy donors (Figure 3B,D,F). In contrast, we could not detect any binding of the antibody to platelets from patients with CAMT (CAMT-7, -11, -12, Figure 3A,C,E).

#### Colony-forming unit assays

Colony-forming assays were performed with bone marrow mononuclear cells of 5 patients, one of them at 2 different time points (Table 3). The growth of megakaryocytic and also of myeloid and erythroid colonies was impaired in all samples.

No growth of megakaryocytic colonies with TPO as a single growth factor could be observed, with the exception of one assay in which only 2 CFU-Mks grew. In contrast, TPO induced the growth of  $42 \pm 23$  CFU-Mks per  $10^5$  BM-MNCs from healthy controls. We observed the growth of some megakaryocytic colonies after stimulation with IL-3, IL-6, and TPO only in samples from the younger patients with CAMT (less than 2 years). There was no growth of megakaryocytic colonies from samples of 2 patients older than 3 years.

In the younger patients, we found a strongly decreased growth



**Figure 3. Expression of c-Mpl on platelets of 2 patients affected from CAMT.** Flow cytometric detection of c-Mpl expression on the surface of platelets from patients CAMT-7 (A), CAMT-11 (C), and CAMT-12 (E) using a polyclonal antiserum against human c-Mpl. Because the flow cytometric measurements were made in different laboratories under slightly different conditions, individual controls from healthy donors are shown for each patient (B,D,F).

**Table 3. Colony-forming unit assay**

Patient identification	Age (y)	CFU-GM	CFU-E	CFU-Mk 1*	CFU-Mk 2†
CAMT-1	0.3	93	51	0	15
CAMT-6	0.8	52	26	0	4
CAMT-7	1.4	149	29	2	15
	5.6	2	1	0	0
CAMT-9	3.0	3	3	0	0
CAMT-17	0.8	52	2	0	7
Controls (mean $\pm$ SD, n = 5)		168 $\pm$ 40	139 $\pm$ 66	42 $\pm$ 13	69 $\pm$ 23

CFU-GM = colony-forming unit-granulocyte-macrophage; CFU-E = colony-forming unit-erythrocyte; CFU-Mk 1 = colony-forming unit-megakaryocyte 1; CFU-Mk 2 = CFU-Mk 2.

Colonies per  $10^5$  BM-MNCs; 1 with TPO alone; 2 with IL-3, IL-6, TPO.

of erythroid and a modestly decreased growth of myeloid colonies, whereas in patients older than 3 years, an almost complete lack of nonmegakaryocytic colony growth was observed. There was no obvious difference in the colony sizes of nonmegakaryocytic colonies between healthy donors and patients with CAMT.

### Mutation analysis

Because of the absence of TPO reactivity in cells from patients with CAMT, *c-mpl* was considered to be one of the candidate genes for this disorder. Therefore, sequence analysis of the entire coding region and all exon/intron boundaries in the *c-mpl* gene was performed on genomic DNA isolated from peripheral blood cells of 8 patients with CAMT. Our studies revealed 7 different mutations in the *c-mpl* gene of these patients (Table 4, Figure 4). Five of these mutations are located in exon 3, one mutation is located in exon 5 and one in exon 2 of the *c-mpl* gene. The nucleotide positions refer to *c-mpl*-P complementary DNA (cDNA).<sup>13</sup> In all cases in which family studies were possible, we could demonstrate that the mutations found in the patients with CAMT were inherited from their heterozygous parents (Table 4).

Patients CAMT-1 and CAMT-17 presented with a homozygous nonsense mutation in exon 2 of *c-mpl* gene (C127T leading to A43X). CAMT-6 is characterized by one homozygous missense mutation (G340A leading to V114M) and one homozygous nonsense mutation (C268T leading to R90X) in exon 3. Family studies revealed that this patient inherited both mutations from his father and mother who are heterozygous for both mutations. The sister of this patient displayed none of these mutations (data not shown). The homozygous deletion of thymine at cDNA nucleotide position 378 in exon 3 of *c-mpl* gene in patient CAMT-9 creates a frameshift and leads to a premature stop codon at amino acid position 129.

The *c-mpl* gene of patient CAMT-13 is characterized by the homozygous delCT at nucleotide positions 235/236 of *c-mpl* cDNA leading to an altered amino acid sequence from position 79 until a stop after amino acid 161. The mutations found in patients CAMT-1, -6, -9, -13, and -17 are predicted to lead to a complete loss of a functional TPO receptor c-Mpl. All patients belong to the group I of patients with CAMT with a very severe form of CAMT with an early progression into pancytopenia.

Patients CAMT-7 and CAMT-12 demonstrated a homozygous G to C transversion in exon 3 of the *c-mpl* gene (G305C) that was inherited from their unrelated heterozygous parents and resulted in the substitution of the amino acid arginine by a proline at amino acid position 102. In patient CAMT-11, we found 2 heterozygous point mutations (C823A, G305C), both leading to amino acid exchanges (R102P, P275T) in the extracellular domain of c-Mpl. All patients with missense mutations belong to group II of patients with CAMT.

### Discussion

In this study, we describe a lack of TPO reactivity of platelets and hematopoietic progenitors from patients with CAMT. This lack is due to point mutations in the *c-mpl* gene in all patients with CAMT tested.

Platelets of patients with CAMT did not respond to rhTPO as demonstrated by an absent synergism with the platelet-activator ADP in platelet activation. We used this experimental system for an initial screening because of the limited availability of bone marrow samples from patients. Platelets are easily available and normally express a functional TPO receptor. Measuring the effect of TPO on

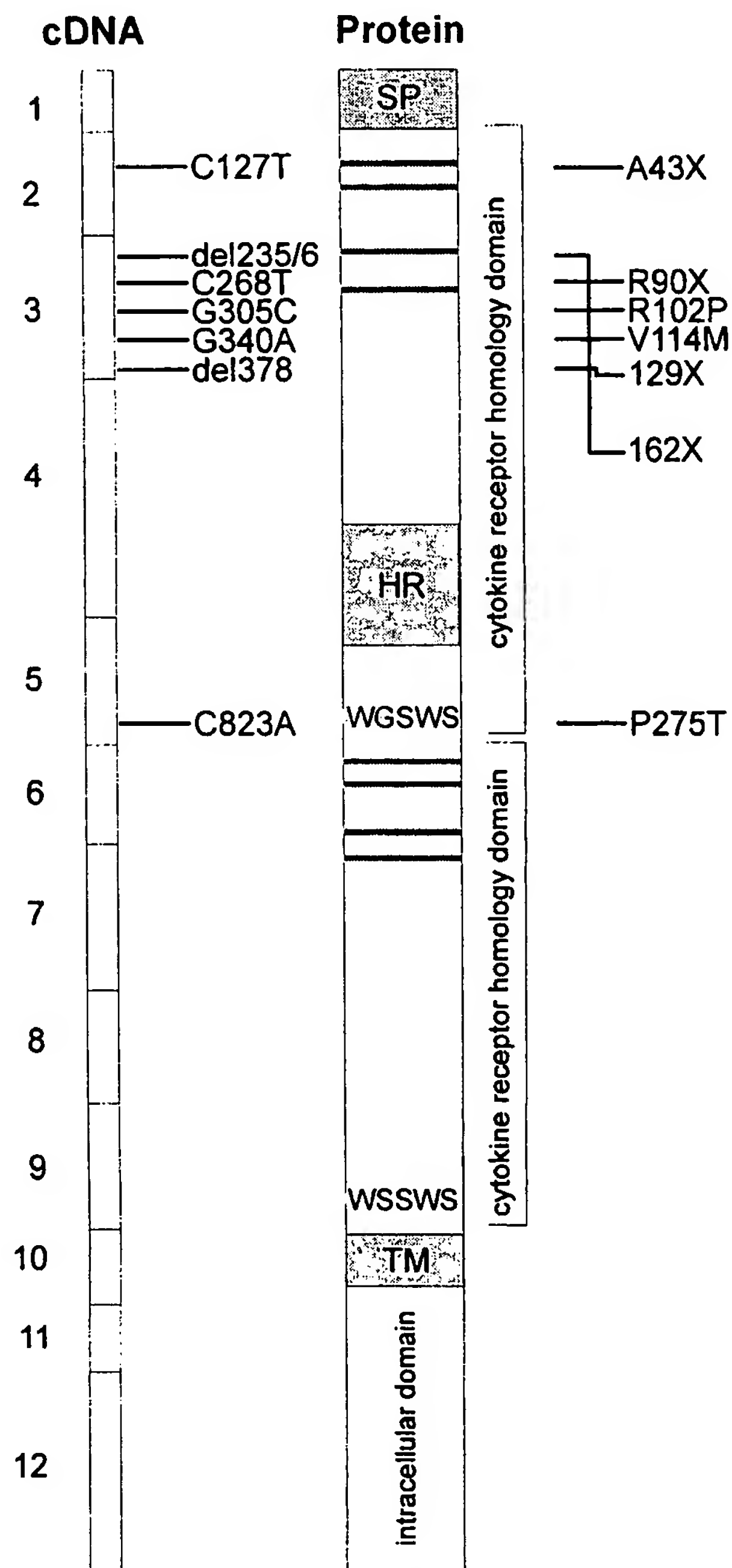
**Table 4. The *c-mpl* gene sequence analysis in patients with congenital amegakaryocytic thrombocytopenia**

Patient identification	Mutation*	Exon no.	Homozygous/heterozygous	Predicted aa sequence†	Inherited from	Patient group
CAMT-1	C127T	2	Homo-	A43X	Not tested	I
CAMT-6	C268T	3	Homo-	R90X	Father/mother	I
	G340A	3	Homo-	V114M	Father/mother	
CAMT-9	del378	3	Homo-	Frameshift: 126L WTVX Frameshift: change in aa	Father/mother	I
CAMT-13	del235/36	3	Homo-	79-161, stop after 161 aa	Not tested	I
CAMT-17	C127T	2	Homo-	A43X	Not tested	I
CAMT-7	G305C	3	Homo-	R102P	Father/mother	II
CAMT-11	C823A	5	Hetero-	P275T	Father	II
	G305C	3	Hetero-	R102P	Mother	
CAMT-12	G305C	3	Homo-	R102P	Father/mother	II

aa: amino acid(s).

\*Although sequencing was performed on genomic DNA, the position of mutations are given as positions in *c-mpl*-P cDNA.<sup>13</sup>

†Numbering of amino acids according Mpl-P sequence.<sup>13</sup>



**Figure 4. Schematic presentation of reported *c-mpl* mutations and predicted alterations in the c-Mpl protein.** The boxes at the left side represent the exons of the coding sequence of *c-mpl*, mutations found in patients with CAMT are indicated with horizontal bars. The resulting alterations in the c-Mpl protein are shown at the right side. Horizontal gray bars represent the consensus pairs of cysteine residues in cytokine receptors. The signal peptide (SP), the hydrophilic insert in the first cytokine receptor domain (HR), and the transmembrane region (TM) are indicated by gray boxes.

platelet activation has already been used as a diagnostic tool for the detection of defects in TPO reactivity.<sup>11,14,15</sup> Because signal transduction pathways of the TPO receptor c-Mpl are essentially similar in platelets and their progenitors in the bone marrow, we assume a general defect of all c-Mpl-bearing cells in the hematopoietic system. The TPO reactivity of hematopoietic progenitors was tested in bone marrow samples from 5 patients. We were not able to detect growth of megakaryocytic colonies after stimulation with TPO as a single hematopoietic growth factor, with the exception of a very weak growth of CFU-Mks in a bone marrow sample from patient CAMT-7 at the age of 1.4 years. Examination of a later bone

marrow sample from this patient (age: 5.6 years) revealed no reactivity to TPO anymore. A defective response to TPO in megakaryocyte-colony formation was described in one patient with CAMT by Muraoka et al.<sup>6</sup>

The defective response of platelets and hematopoietic progenitors to TPO was confirmed by studies on the signal transduction of c-Mpl in platelets, which are assumed to be representative for c-Mpl signal transduction in megakaryocytes and their progenitors: We observed no induction of intracellular tyrosine phosphorylations in total platelet lysates or in Jak-2 immunoprecipitates, respectively, after stimulation with TPO in patient CAMT-11.

So far, these results very much resembled those obtained with platelets from patients suffering from thrombocytopenia with absent radii (TAR) in a previous study.<sup>11</sup> However, we could demonstrate that c-Mpl expression on TAR patients' platelets was normal,<sup>11</sup> and others found no alterations in the *c-mpl* gene of TAR patients.<sup>16</sup> These results led us to the hypothesis that a defect in c-Mpl-dependent signaling pathways is the cause for thrombocytopenia in TAR syndrome.

To analyze the TPO receptor expression in patients with CAMT, we investigated the c-Mpl protein and the genomic sequence of the *c-mpl* gene. We could not detect c-Mpl on the surface of the platelets from 2 patients affected from CAMT. Sequence analysis revealed point mutations in 8 of 8 patients. Homozygous deletions (CAMT-9 and -13) or nonsense mutations (CAMT-1, -6, and -17) were found in 5 patients, all of them predicted to result, if translated, in a premature terminated c-Mpl protein, which lacks a transmembrane and intracellular domain. These patients should have a complete loss of c-Mpl function. Interestingly, all these patients belong to the group I of patients with CAMT who have a more severe thrombocytopenia and reveal a more rapid progression into pancytopenia. In contrast, patients CAMT-7 and CAMT-12 who demonstrated a homozygous missense mutation, and CAMT-11 with 2 heterozygous missense mutations in the *c-mpl* gene belong to group II. This might correspond to a residual function of c-Mpl in these patients.

The homozygous point mutation in exon 3 of *c-mpl* found in patients CAMT-7 and -12 leads to an exchange of arginine 102 to proline. This substitution, which is located close to the highly conserved cysteine residues, may have an important influence on protein folding and therefore on the binding of TPO. The receptor could not be detected on platelets of patients CAMT-7 and CAMT-12 by flow cytometry using a polyclonal antiserum against the extracellular domain of the protein. However, there might be a residual signal transduction activity of c-Mpl in these patients as could be deduced from the weak reactivity to TPO in a colony assay (CAMT-7) and from the fact that these patients were clinically stable over several years before the deteriorating hematopoiesis necessitated a bone marrow transplantation.

In patient CAMT-11, we detected 2 heterozygous missense mutation in the *c-mpl* gene that are inherited from her heterozygous parents. This patient presented with a less severe form of CAMT, she is the only one of the patients in this report who did not show a tendency for a pancytopenia to develop so far. CAMT-11 is heterozygous for the mutation G305C, which causes a more severe course of the disease if homozygously expressed (CAMT-7, -12). We conclude that the exchange of proline to tyrosine at amino acid position 275, caused by the other heterozygous mutation found in this patient (C823A), seems to have less effect on c-Mpl function.

Mutations in the *c-mpl* gene in patients with CAMT have been reported by others: Ihara and coworkers<sup>7</sup> detected 2 heterozygous point mutations in the *c-mpl* gene that were predicted to result in a



complete lack of functional c-Mpl protein in this patient. Van den Oudenrijn et al<sup>17</sup> reported *c-mpl* mutations in 4 of 5 patients with CAMT, 3 of them with 2 heterozygous mutations, one with a homozygous splice defect. In contrast to the previous reported mutations in the *c-mpl* gene of patients with CAMT, which are evenly distributed over the *c-mpl* gene, we found a strong accumulation of mutations in exon 3, all mutations are located in the first cytokine receptor homology domain. The high frequency of homozygous mutations in our patients is partly due to the consanguinity in their parents (patients CAMT-9, -13, and -17). The mutation found in patients CAMT-7, -11, and -12 was reported for another patient by van den Oudenrijn et al.<sup>17</sup> Because all these patients are unrelated and their parents are not consanguineous, this mutation seems to occur more frequently, at least in Europe.

There are some striking similarities in the phenotypes observed in patients affected from CAMT with c-Mpl-deficient mice generated by gene targeting. Disruption of the *c-mpl* gene in mice resulted in a specific loss of both megakaryocytes and platelets with an approximately 85% decrease in peripheral platelet counts. The remaining platelets were functionally normal.<sup>18</sup> These observations correspond well to those made in patients with CAMT: We found very low platelet counts, as low as  $5 \times 10^9/L$ , and these platelets had a normal reactivity to the platelet agonists TRAP or ADP. High TPO serum levels were demonstrated in *c-mpl*<sup>-/-</sup> mice.<sup>18</sup> Because TPO knock-out mice demonstrate a very similar phenotype to the *c-mpl*<sup>-/-</sup>,<sup>19,20</sup> a TPO production defect could also be postulated as a cause of CAMT. However, TPO serum levels have been shown to be generally high in these patients.<sup>4,5,21</sup> In all patients tested so far, serum TPO revealed full biologic activity.<sup>5</sup>

In addition to the lineage specific effects on megakaryocytopoiesis, there are deficiencies in other nonmegakaryocytic lineages of hematopoiesis in patients with CAMT,<sup>1,3,6</sup> which also seem to be quite similar in *c-mpl*<sup>-/-</sup> mice.<sup>19,22,23</sup> The role of TPO in early hematopoiesis has been elucidated by several investigators during the last few years. In vitro studies demonstrated that TPO supports the survival of multilineage progenitors or synergizes with other hematopoietic growth factors in expansion of these cells.<sup>24-27</sup> Solar et al<sup>28</sup> found a significantly better engraftment of CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup>c-Mpl<sup>+</sup> human hematopoietic progenitor cells compared with CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup>c-Mpl<sup>-</sup> cells in transplanting SCID mice.

Although no decline in peripheral blood counts in *c-mpl*<sup>-/-</sup> mice has been described, the impairment of nonmegakaryocytic progenitors in *c-mpl*<sup>-/-</sup> mice seems to deteriorate during ontogeny: Alexander et al<sup>22</sup> demonstrated normal growth of hematopoietic progenitors of all lineages from the fetal liver of *c-mpl*<sup>-/-</sup> mice (day 12 of gestation), whereas growth of myeloid and erythroid progenitors as well as that of early bipotential or multipotential progenitors from hematopoietic tissues from neonate mice was already markedly reduced. In analogy, Freedman and Estrov<sup>3</sup> demonstrated a decline in the growth of nonmegakaryocytic progenitors and earlier multipotential progenitors during the development from isolated thrombocytopenia into aplastic anemia in serial analyses of one patient with CAMT. In accordance with these observations, we found an age-dependent decline in the

growth of nonmegakaryocytic progenitors with an earlier drop in the erythroid colonies. The decline in the growth of nonmegakaryocytic progenitors precedes the drop of the corresponding mature cells in the peripheral blood and may reflect an exhaustion of early multipotential progenitors due to the lack of TPO reactivity. Interestingly, we found growth of megakaryocyte colonies from BM-MNCs from 2 younger patients with CAMT using TPO, IL-3, and IL-6, but not using TPO as a single growth factor. This observation also supports the hypothesis that only the response to TPO is affected in CAMT. Several attempts have been made to treat patients with CAMT with hematopoietic growth factors: In a clinical study with rhIL-3 in 5 patients with CAMT, Guinan and coworkers<sup>29</sup> could demonstrate at least a short-term improvement in platelet counts, bleeding diatheses, or transfusion requirement. A subsequent study with the GM-CSF/IL-3 fusion protein PIXY321 revealed a platelet count elevation only for those patients who demonstrated a modest impairment of hematopoiesis, suggesting that the early multilineage pool, which seems to be affected from the *c-mpl* defect, was not yet completely exhausted in these patients.<sup>30</sup> Two of our patients (CAMT-7 and CAMT-9) were treated with rhIL-11 (NEUMEGA). After a short decrease of bleeding symptoms, platelet counts dropped under the baseline values from before therapy, which was stopped on day 10, and more than 6 weeks were needed for a complete platelet recovery. We conclude that rhIL-11 treatment led to a transient exhaustion of the megakaryocytic progenitor cell pool as an effect of faster maturation of megakaryocytes, which is followed by a decreased platelet counts for some weeks (G. Strauss, unpublished results).

In conclusion, we propose a defective c-Mpl expression leading to a defect in the reactivity to TPO as the cause for CAMT in the majority of patients. CAMT could be considered as a model for investigating the in vivo role of TPO in human hematopoiesis. From our observations, we may offer 2 hypotheses. The first one is that TPO and c-Mpl seem to be essential for growth and maintenance of multipotential hematopoietic progenitor cells. A lack or malfunction of c-Mpl leads to an exhaustion of the early progenitor cell pool over the first years of life. The second hypothesis is that mechanisms independent of c-Mpl are responsible for the formation of multipotential progenitors in early ontogeny. The understanding of these mechanisms might provide closer insights into hematopoietic regulation and a therapeutic approach in the treatment of CAMT.

## Acknowledgment

We are indebted to the patients and families who participated in this study and the referring physicians for their cooperation. We would especially like to thank the following physicians for providing us with samples from their patients: Dr Kremens (Essen), Dr Sieverts (Heidelberg), Dr Rossi (Berlin), Dr Brackmann (Detmold), Dr Spaar (Bremen), Dr Pekrun (Göttingen), Prof Dr Zintl (Jena), Dr Lassay (Aachen), and Prof Dr Rister (Koblenz).

## References

1. Alter BP, Young NS. The bone marrow failure syndromes. In: Nathan DG, Orkin SH, eds. *Nathan and Orkin's Hematology of Infancy and Childhood*. Philadelphia, PA: WB Saunders; 1998:237-335.
2. Freedman MH, Doyle JJ. Inherited bone marrow failure syndromes. In: Lilleyman JS, Hann IM, Blanchette VS, eds. *Pediatric Hematology*. London, UK: Churchill Livingstone; 1999:23-49.
3. Freedman MH, Estrov Z. Congenital amegakaryocytic thrombocytopenia: an intrinsic hematopoietic stem cell defect. *Am J Pediatr Hematol Oncol*. 1990;12:225-230.
4. Mukai HY, Kojima H, Todokoro K, et al. Serum thrombopoietin (TPO) levels in patients with amegakaryocytic thrombocytopenia are much higher than those with immune thrombocytopenic purpura. *Thromb Haemost*. 1996;76:675-678.
5. Cremer M, Schulze H, Linthorst G, et al. Serum

- levels of thrombopoietin, IL-11, and IL-6 in pediatric thrombocytopenias. *Ann Hematol*. 1999;78:401-407.
6. Muraoka K, Ishii E, Tsuji K, et al. Defective response to thrombopoietin and impaired expression of c-mpl mRNA of bone marrow cells in congenital amegakaryocytic thrombocytopenia. *Br J Haematol*. 1997;96:287-292.
  7. Ihara K, Ishii E, Eguchi M, et al. Identification of mutations in the c-mpl gene in congenital amegakaryocytic thrombocytopenia. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1999;96:3132-3136.
  8. Hogge D, Fanning S, Bockhold K, et al. Quantitation and characterization of human megakaryocyte colony-forming cells using a standardized serum-free agarose assay. *Br J Haematol*. 1997;96:790-800.
  9. Folman CC, von dem Borne AE, Rensink IH, et al. Sensitive measurement of thrombopoietin by a monoclonal antibody based sandwich enzyme-linked immunosorbent assay. *Thromb Haemost*. 1997;78:1262-1267.
  10. Bartley TD, Bogenberger J, Hunt P, et al. Identification and cloning of a megakaryocyte growth and development factor that is a ligand for the cytokine receptor Mpl. *Cell*. 1994;77:1117-1124.
  11. Ballmaier M, Schulze H, Strauss G, et al. Thrombopoietin in patients with congenital thrombocytopenia and absent radii: elevated serum levels, normal receptor expression, but defective reactivity to thrombopoietin. *Blood*. 1997;90:612-619.
  12. Miyakawa Y, Oda A, Druker BJ, et al. Recombinant thrombopoietin induces rapid protein tyrosine phosphorylation of Janus kinase 2 and Shc in human blood platelets. *Blood*. 1995;86:23-27.
  13. Vigon I, Momon JP, Cocault L, et al. Molecular cloning and characterization of MPL, the human homolog of the v-mpl oncogene: identification of a member of the hematopoietic growth factor receptor superfamily. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1992;89:5640-5644.
  14. Usuki K, Iki S, Endo M, et al. Influence of thrombopoietin on platelet activation in myeloproliferative disorders. *Br J Haematol*. 1997;97:530-537.
  15. Moliterno AR, Hankins WD, Spivak JL. Impaired expression of the thrombopoietin receptor by platelets from patients with polycythemia vera. *N Engl J Med*. 1998;338:572-580.
  16. Strippoli P, Savoia A, Iolascon A, et al. Mutational screening of thrombopoietin receptor gene (c-mpl) in patients with congenital thrombocytopenia and absent radii (TAR). *Br J Haematol*. 1998;103:311-314.
  17. van den Oudenrijn S, Bruin M, Folman CC, et al. Mutations in the thrombopoietin receptor gene, Mpl, in children with congenital amegakaryocytic thrombocytopenia. *Br J Haematol*. 2000;110:441-448.
  18. Gurney AL, Carver-Moore K, de Sauvage FJ, Moore MW. Thrombocytopenia in c-mpl-deficient mice. *Science*. 1994;265:1445-1447.
  19. Carver-Moore K, Broxmeyer HE, Luoh S-M, et al. Low levels of erythroid and myeloid progenitors in thrombopoietin- and c-mpl-deficient mice. *Blood*. 1996;88:803-808.
  20. Bunting S, Widmer R, Lipari T, et al. Normal platelets and megakaryocytes are produced in vivo in the absence of thrombopoietin. *Blood*. 1997;90:3423-3429.
  21. Porcellijn L, Folman CC, Bossers B, et al. The diagnostic value of thrombopoietin level measurements in thrombocytopenia. *Thromb Haemost*. 1998;79:1101-1105.
  22. Alexander WS, Roberts AW, Nicola NA, Li R, Metcalf D. Deficiencies in progenitor cells of multiple hematopoietic lineages and defective megakaryocytopoiesis in mice lacking the thrombopoietin receptor c-Mpl. *Blood*. 1996;87:2162-2170.
  23. Kimura S, Roberts AW, Metcalf D, Alexander WS. Hematopoietic stem cell deficiencies in mice lacking c-Mpl, the receptor for thrombopoietin. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1998;95:1195-1200.
  24. Ku H, Yonemura Y, Kaushansky K, Ogawa M. Thrombopoietin, the ligand for the Mpl receptor, synergizes with steel factor and other early acting cytokines in supporting proliferation of primitive hematopoietic progenitors of mice. *Blood*. 1996;87:4544-4551.
  25. Sitnicka E, Lin N, Priestley GV, et al. The effect of thrombopoietin on the proliferation and differentiation of murine hematopoietic stem cells. *Blood*. 1996;87:4998-5005.
  26. Kobayashi M, Laver JH, Kato T, Miyazaki H, Ogawa M. Thrombopoietin supports proliferation of human primitive hematopoietic cells in synergy with steel factor and/or interleukin-3. *Blood*. 1996;88:429-436.
  27. Borge OJ, Ramsfjell V, Cui L, Jacobsen SEW. Ability of early acting cytokines to directly promote survival and suppress apoptosis of human primitive CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup> bone marrow cells with multilineage potential at the single-cell level: key role of thrombopoietin. *Blood*. 1997;90:2282-2292.
  28. Solar GP, Kerr WG, Zeigler FC, et al. Role of c-mpl in early hematopoiesis. *Blood*. 1998;92:4-10.
  29. Guinan EC, Lee YS, Lopez KD, et al. Effects of interleukin-3 and granulocyte-macrophage colony-stimulating factor on thrombopoiesis in congenital amegakaryocytic thrombocytopenia. *Blood*. 1993;81:1691-1698.
  30. Taylor DS, Lee Y, Sieff CA, Homans A, Garrison L, Guinan EC. Phase I/II trial of PIXY321 (granulocyte-macrophage colony stimulating factor/interleukin-3 fusion protein) for treatment of inherited and acquired marrow failure syndromes. *Br J Haematol*. 1998;103:304-307.